



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Mar 8, 2026 – 02:56 PM UTC

PDB ID : 2K8V / pdb_00002k8v
BMRB ID : 15964
Title : Solution structure of Oxidised ERp18
Authors : Rowe, M.L.; Alanen, H.I.; Ruddock, L.W.; Kelly, G.; Schmidt, J.M.;
Williamson, R.A.; Howard, M.J.
Deposited on : 2008-09-25

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

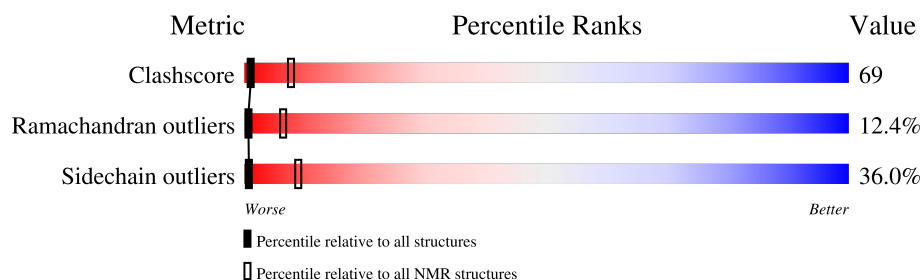
1 Overall quality at a glance

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	157	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 40 models. Model 22 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *closest to the average*.

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

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:22-A:144 (123)	1.01	22

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 5 clusters and 3 single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	3, 4, 6, 9, 10, 13, 20, 22, 24, 25, 27, 28, 29, 30, 31, 32, 33, 35, 38, 39, 40
2	1, 11, 12, 15, 17, 18, 19, 23
3	7, 8, 14
4	5, 21, 26
5	2, 34
Single-model clusters	16; 36; 37

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2450 atoms, of which 1198 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Thioredoxin domain-containing protein 12.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	157	Total	C	H	N	O	S	0
			2450	788	1198	219	238	7	

There are 8 discrepancies between the modelled and reference sequences:

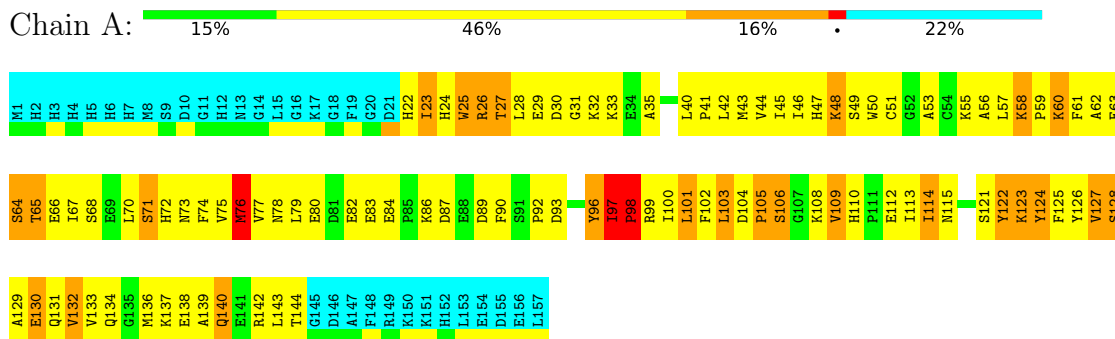
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	1	MET	-	expression tag	UNP O95881
A	2	HIS	-	expression tag	UNP O95881
A	3	HIS	-	expression tag	UNP O95881
A	4	HIS	-	expression tag	UNP O95881
A	5	HIS	-	expression tag	UNP O95881
A	6	HIS	-	expression tag	UNP O95881
A	7	HIS	-	expression tag	UNP O95881
A	8	MET	-	expression tag	UNP O95881

4 Residue-property plots [i](#)

4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

These plots are provided for all protein, RNA, DNA and oligosaccharide chains in the entry. The first graphic is the same as shown in the summary in section 1 of this report. The second graphic shows the sequence where residues are colour-coded according to the number of geometric quality criteria for which they contain at least one outlier: green = 0, yellow = 1, orange = 2 and red = 3 or more. Stretches of 2 or more consecutive residues without any outliers are shown as green connectors. Residues which are classified as ill-defined in the NMR ensemble, are shown in cyan with an underline colour-coded according to the previous scheme. Residues which were present in the experimental sample, but not modelled in the final structure are shown in grey.

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12

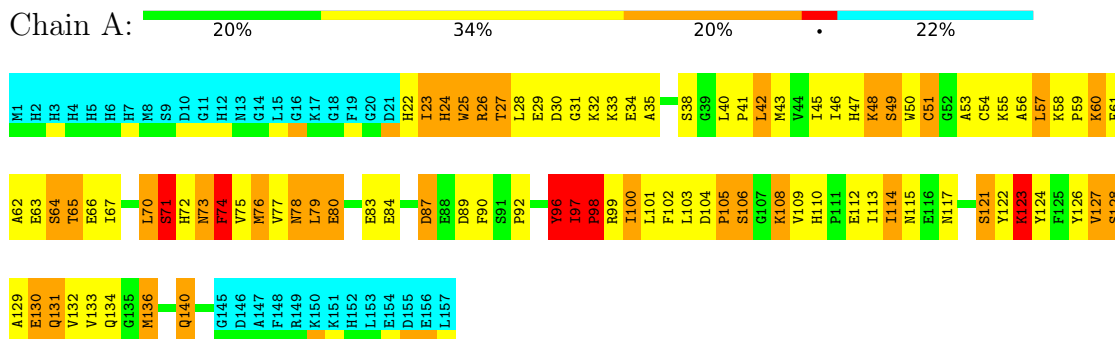


4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

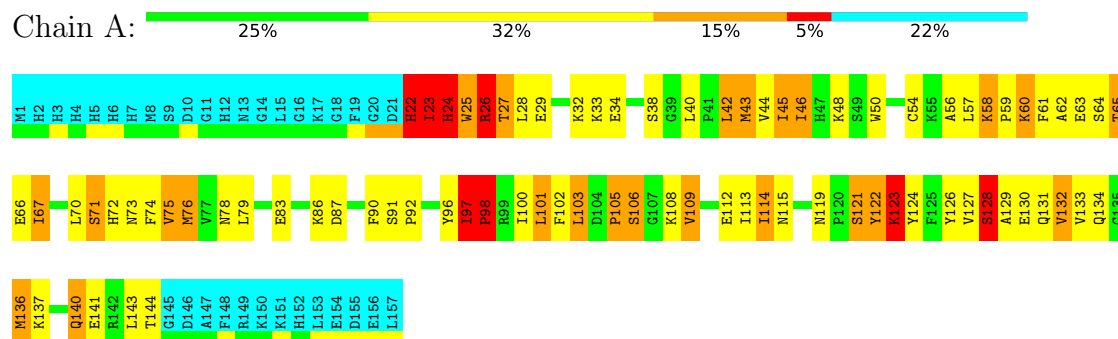
4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



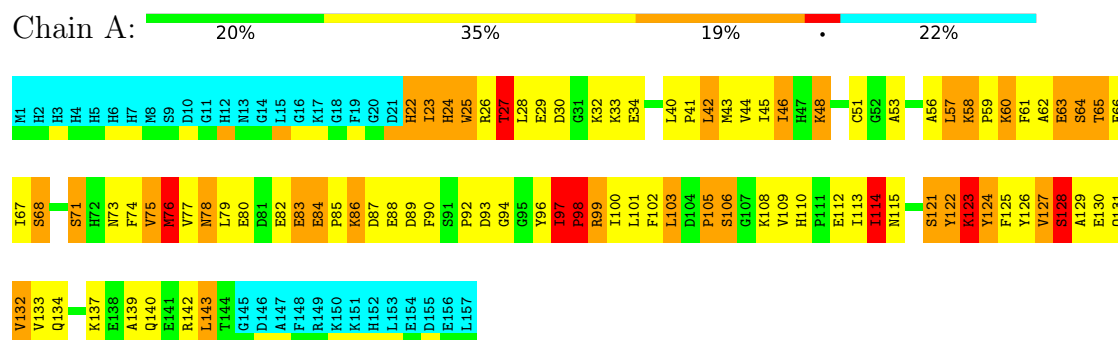
4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



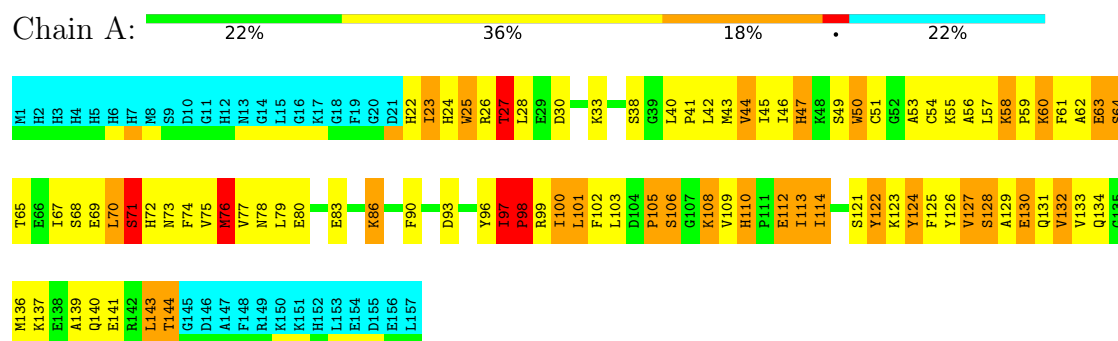
4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



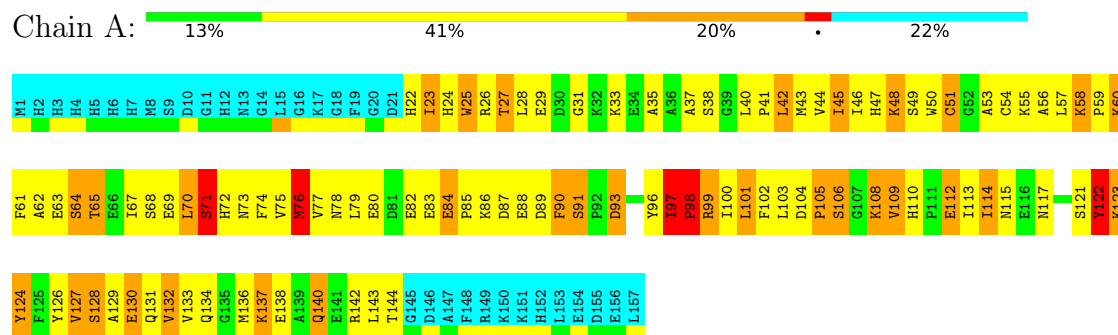
4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



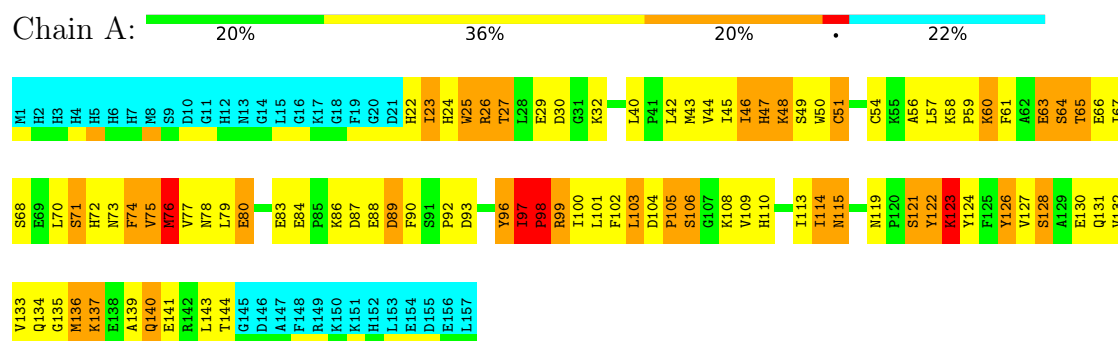
4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



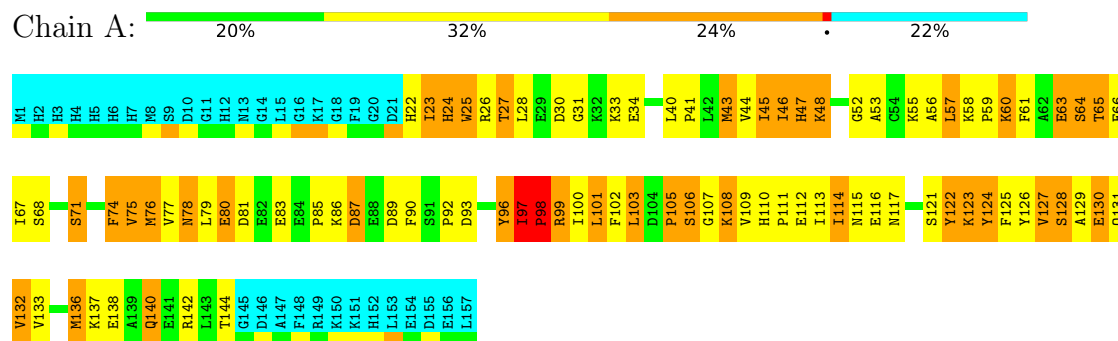
4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



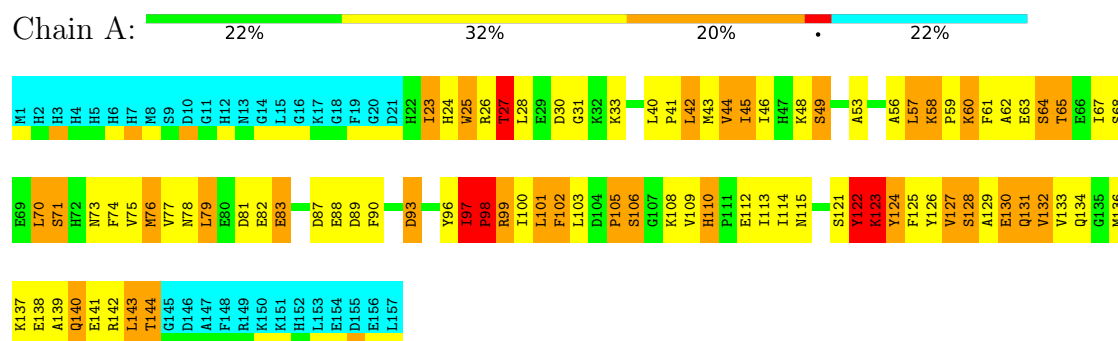
4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



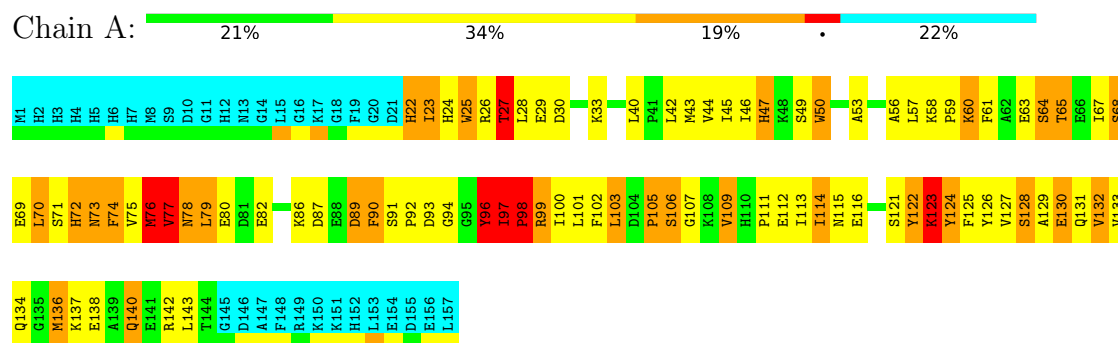
4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



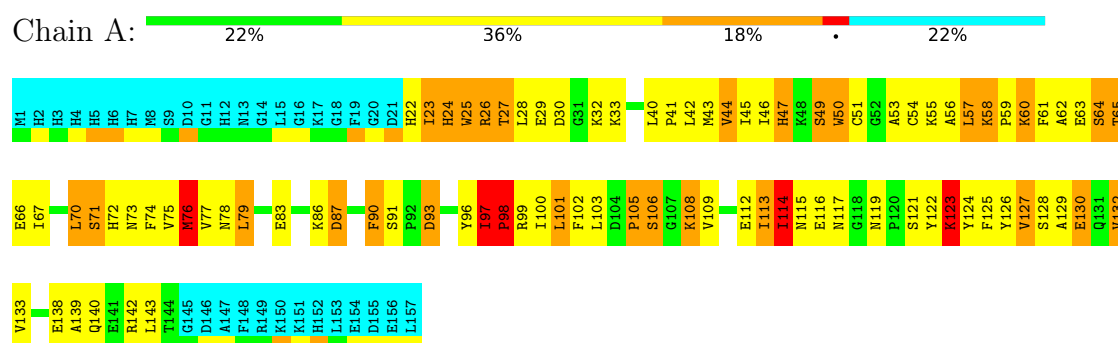
4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



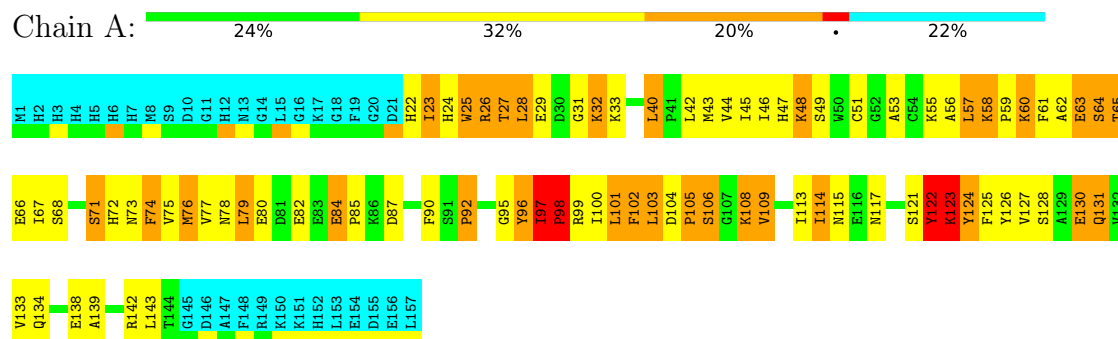
4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



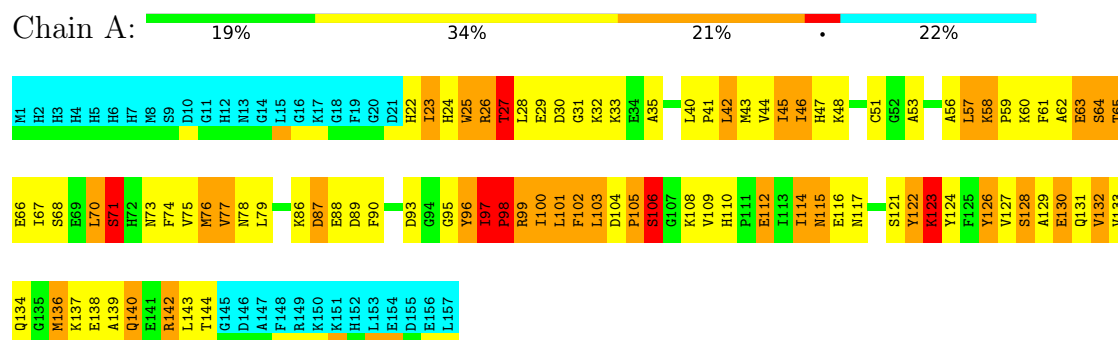
4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



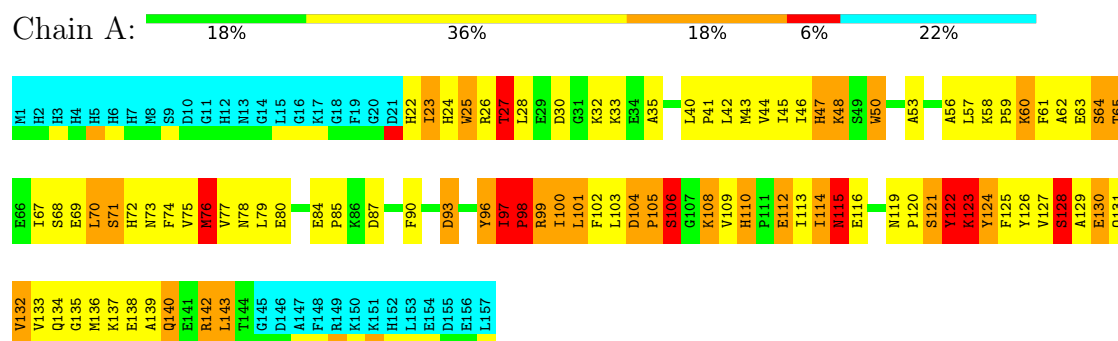
4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



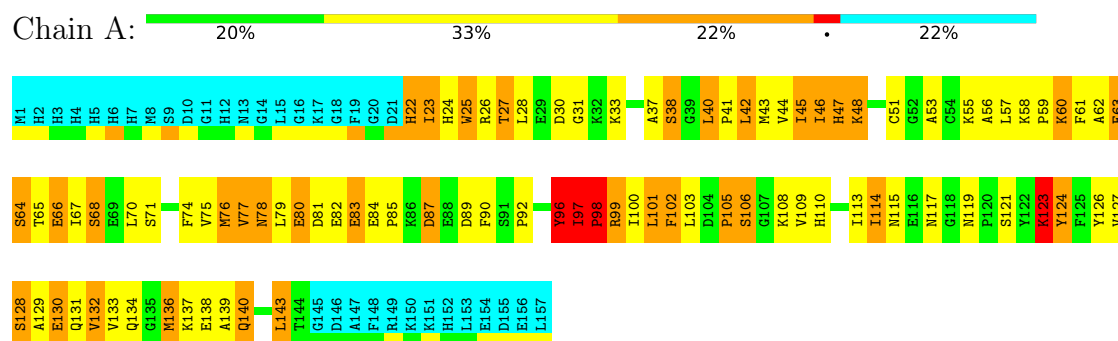
4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



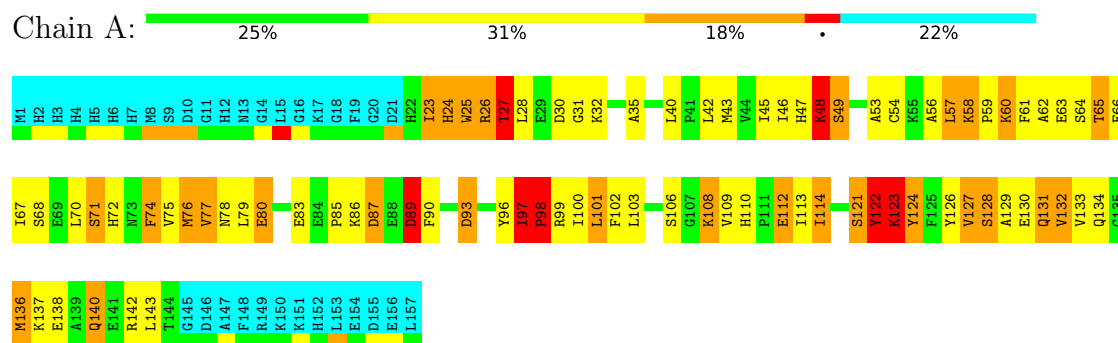
4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



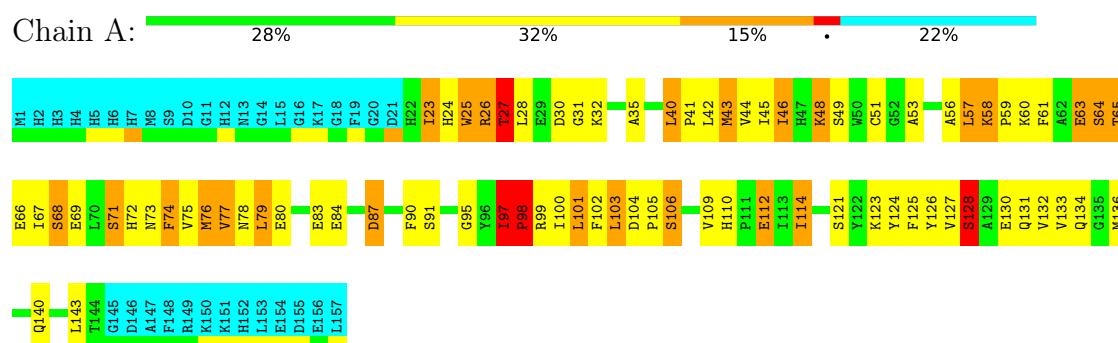
4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



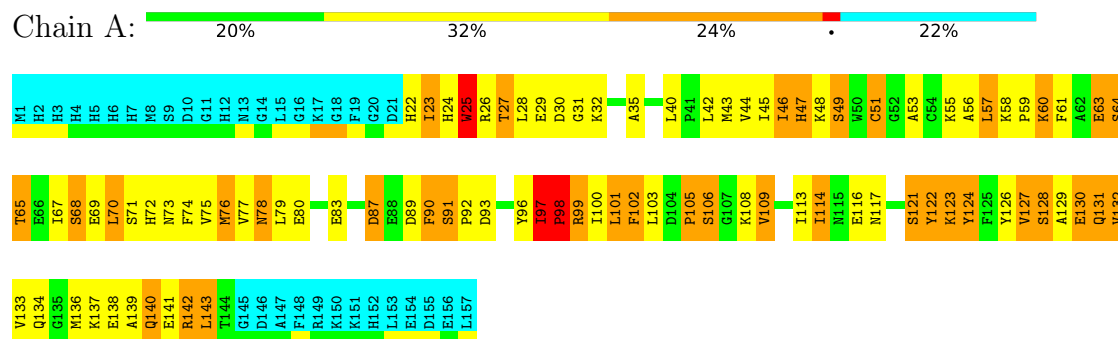
4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



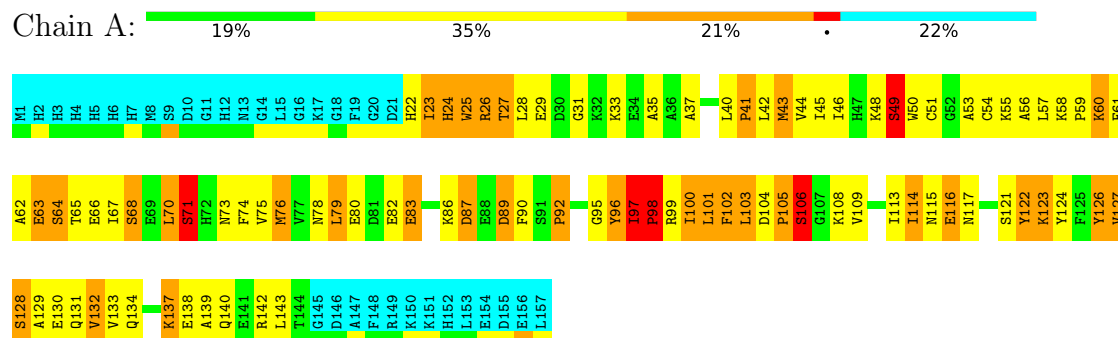
4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



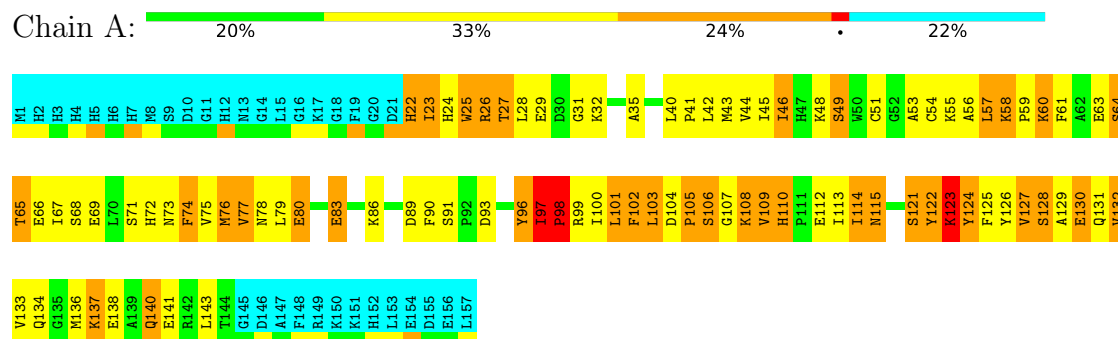
4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



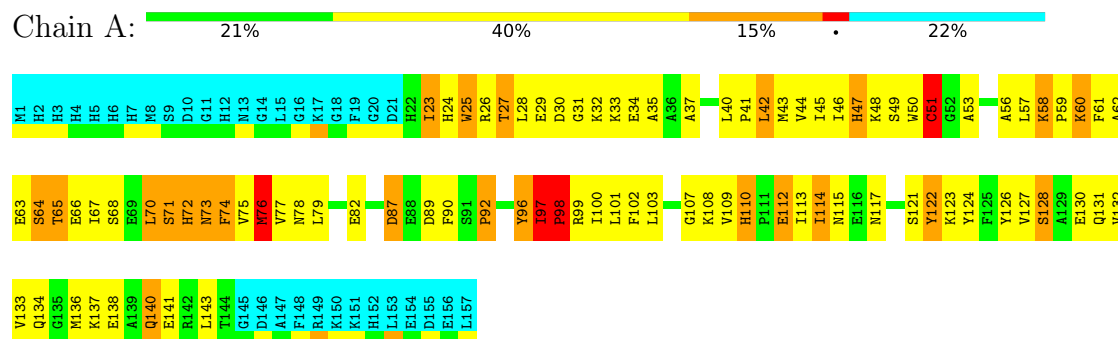
4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



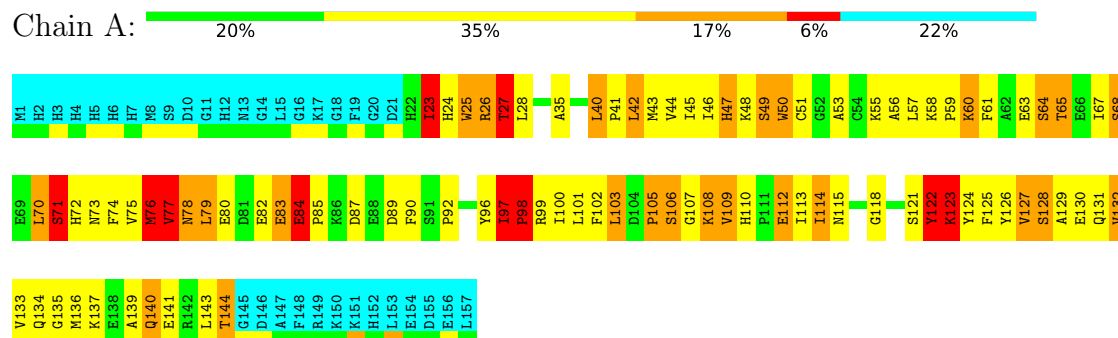
4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



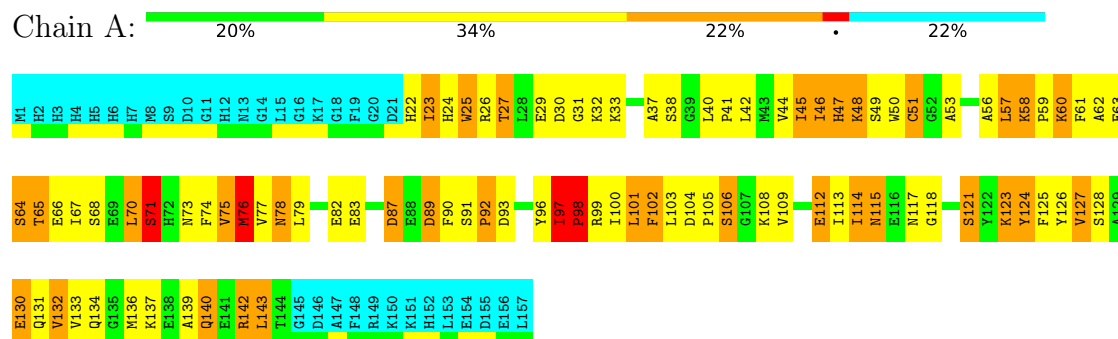
4.2.21 Score per residue for model 21

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



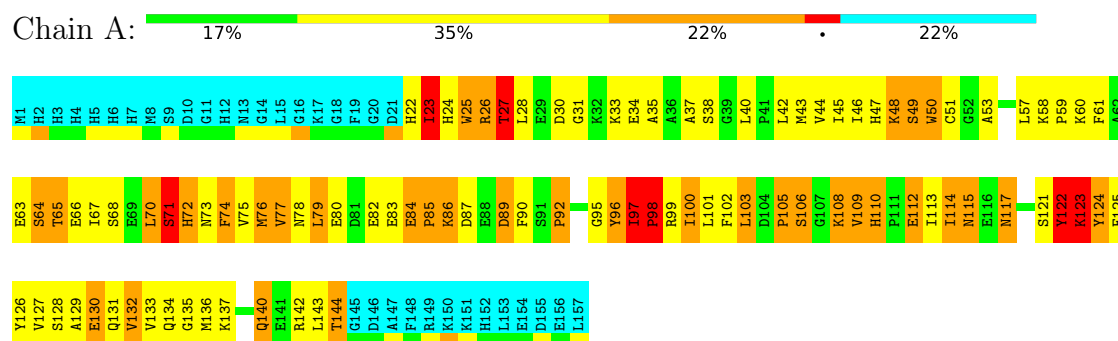
4.2.22 Score per residue for model 22 (medoid)

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



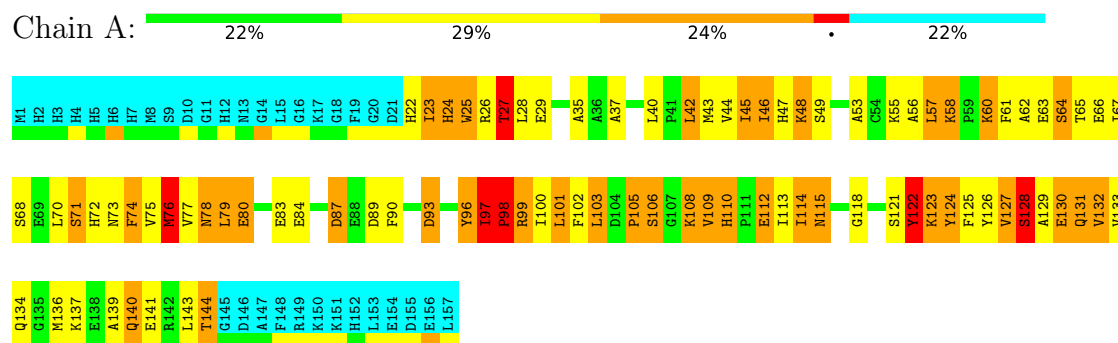
4.2.23 Score per residue for model 23

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



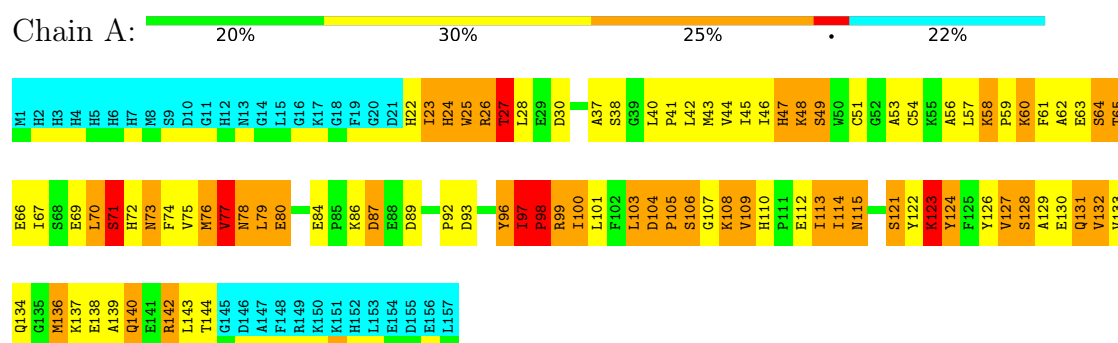
4.2.24 Score per residue for model 24

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



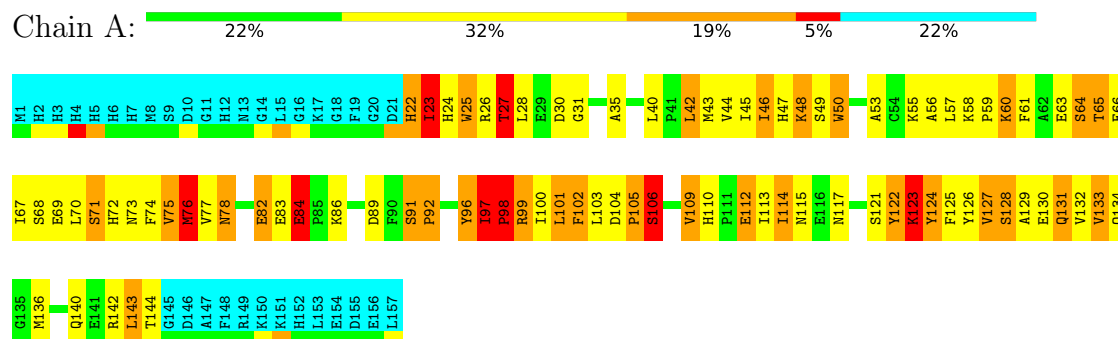
4.2.25 Score per residue for model 25

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



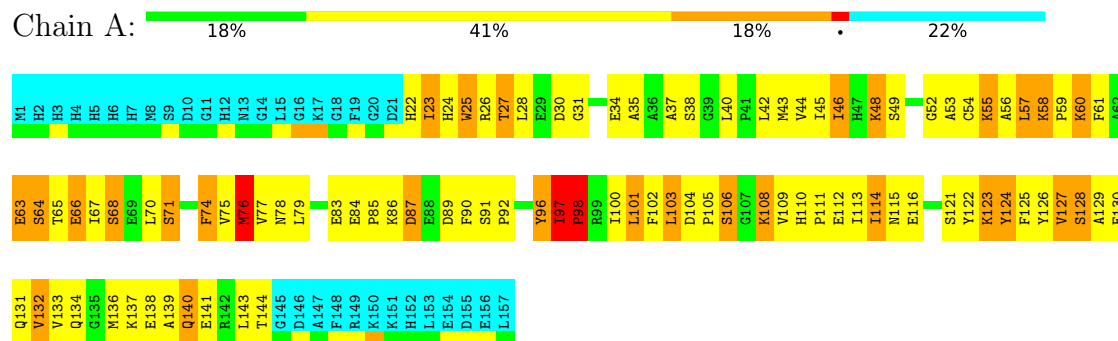
4.2.26 Score per residue for model 26

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



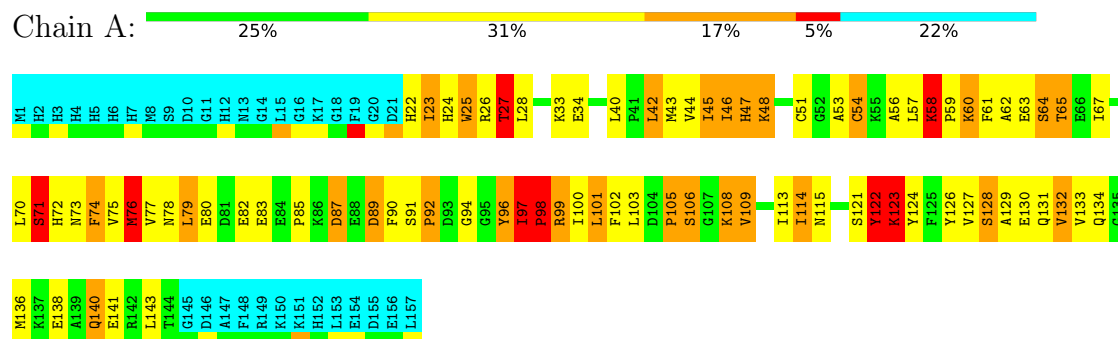
4.2.27 Score per residue for model 27

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



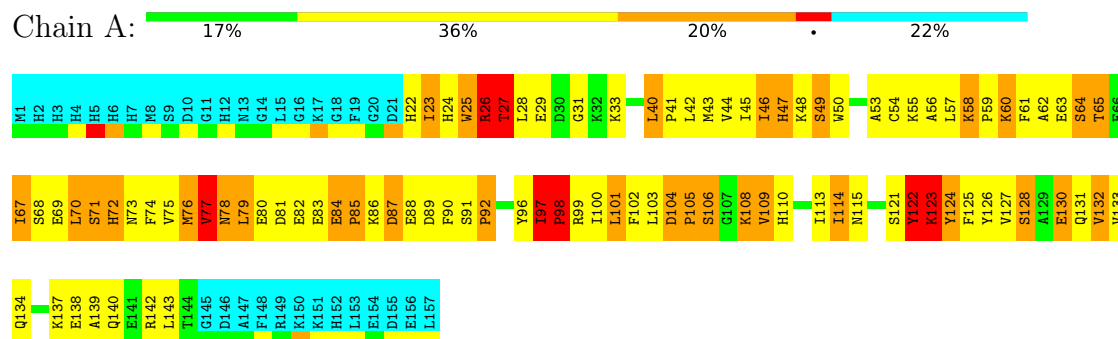
4.2.28 Score per residue for model 28

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



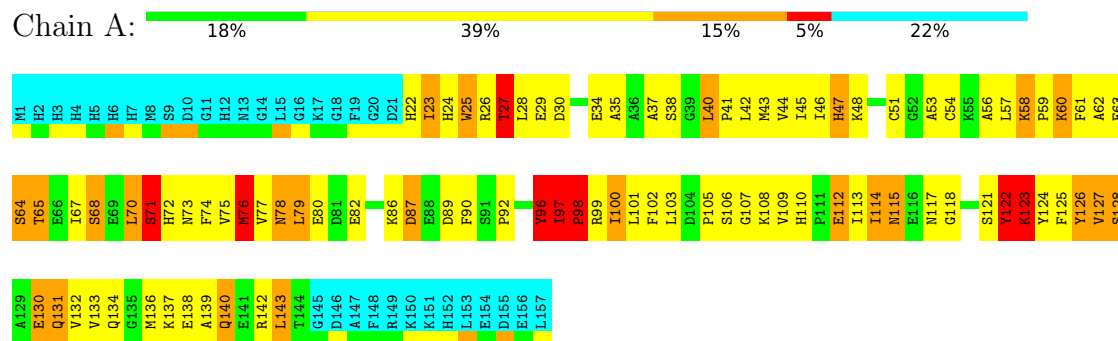
4.2.29 Score per residue for model 29

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



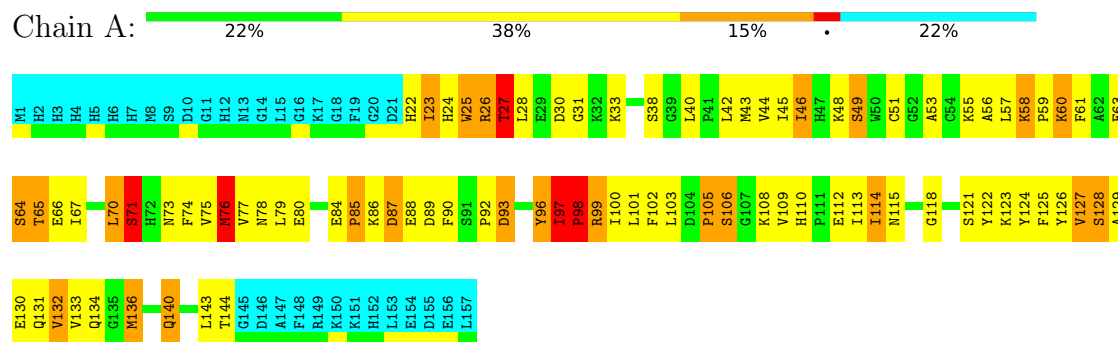
4.2.30 Score per residue for model 30

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



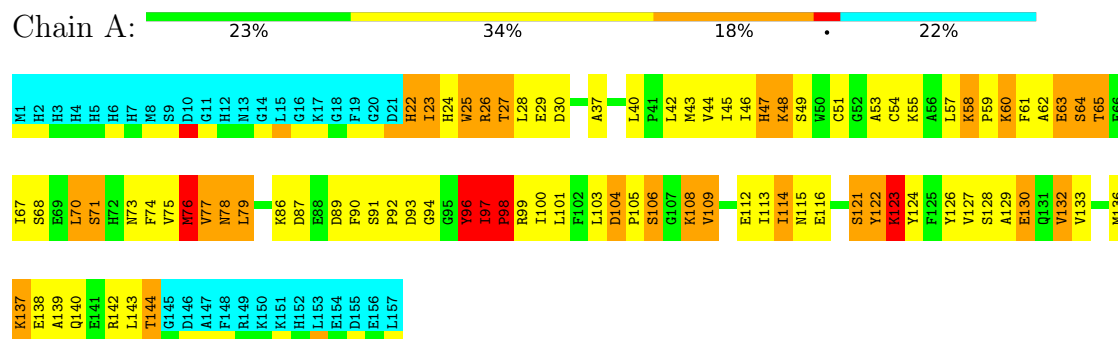
4.2.31 Score per residue for model 31

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



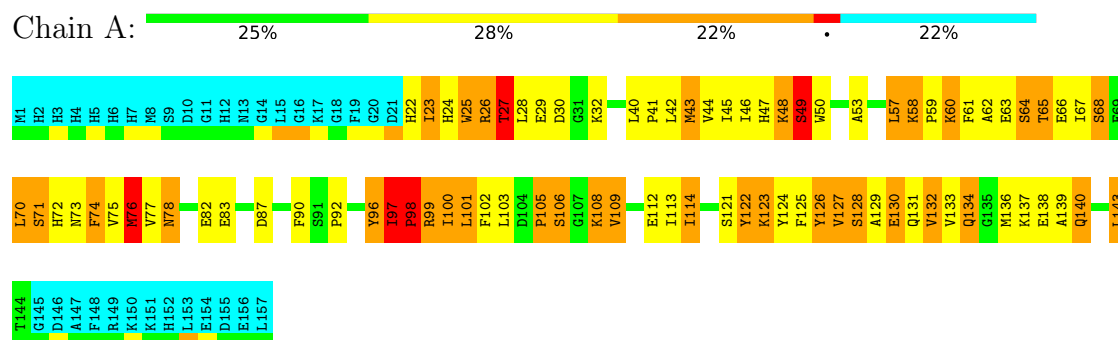
4.2.32 Score per residue for model 32

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



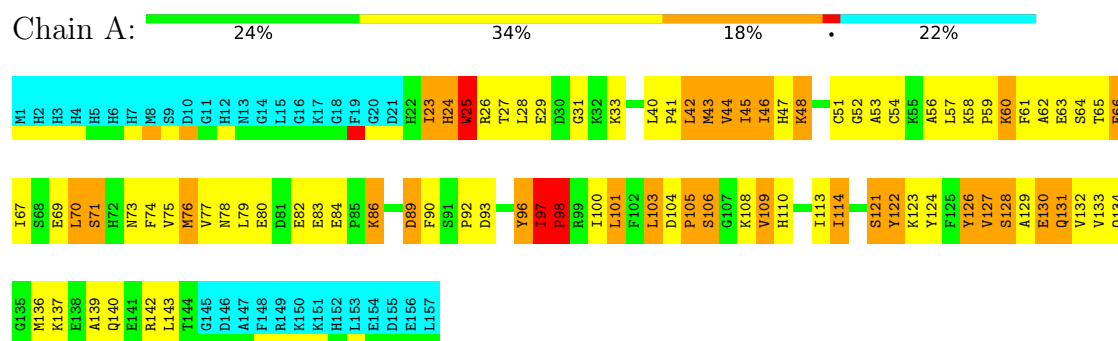
4.2.33 Score per residue for model 33

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



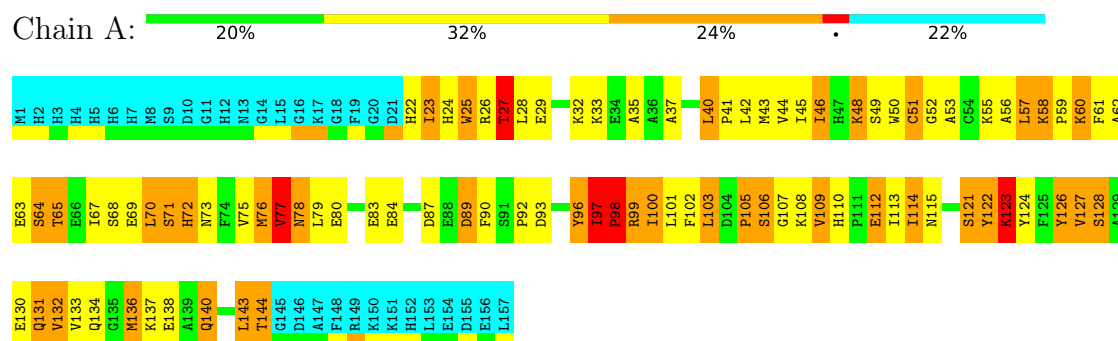
4.2.34 Score per residue for model 34

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



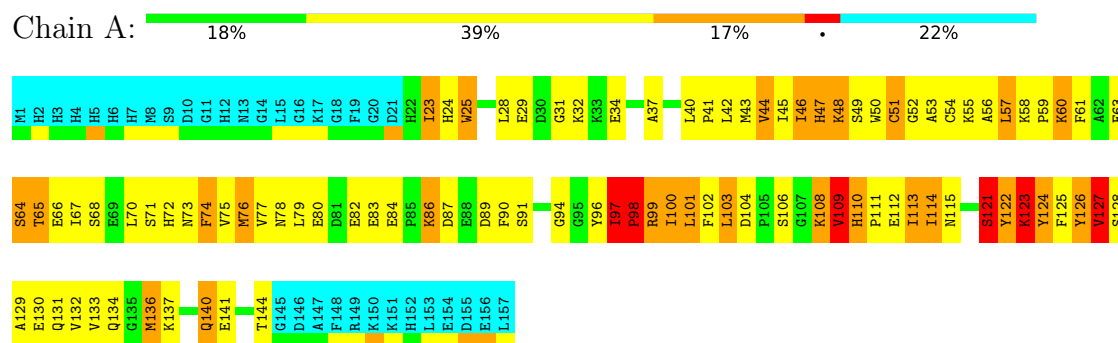
4.2.35 Score per residue for model 35

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



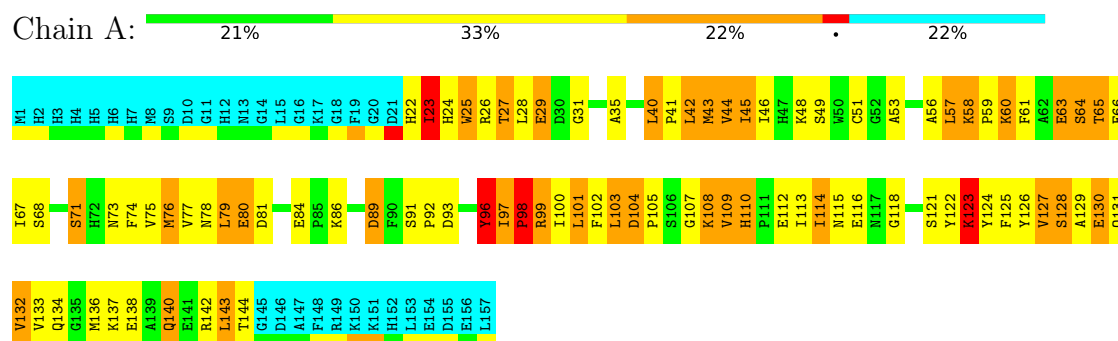
4.2.36 Score per residue for model 36

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



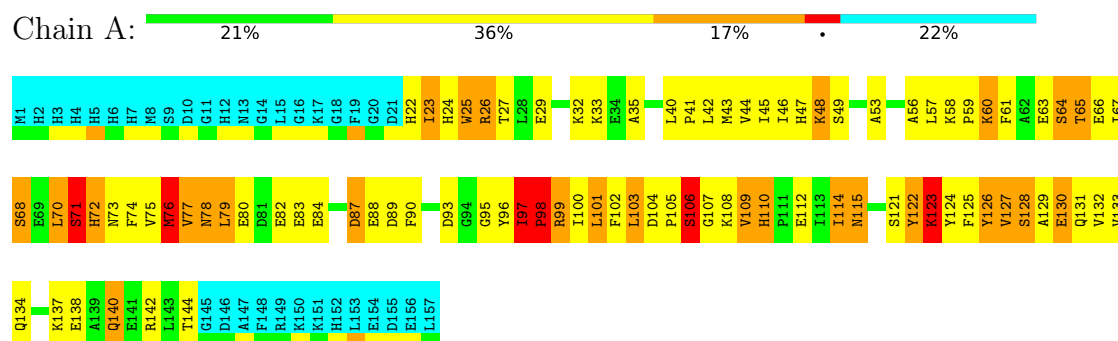
4.2.37 Score per residue for model 37

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



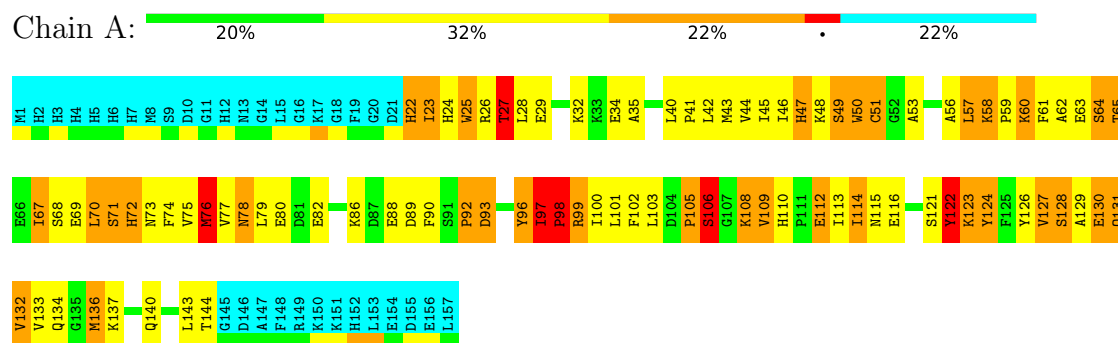
4.2.38 Score per residue for model 38

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



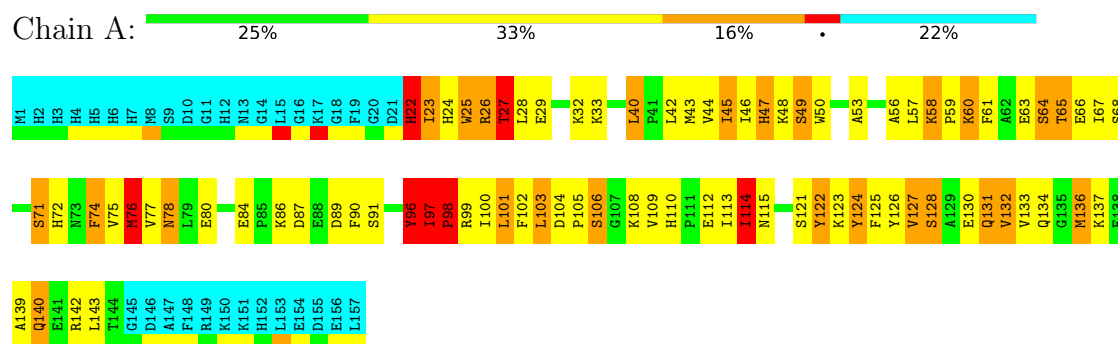
4.2.39 Score per residue for model 39

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



4.2.40 Score per residue for model 40

- Molecule 1: Thioredoxin domain-containing protein 12



5 Refinement protocol and experimental data overview

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

Of the 100 calculated structures, 40 were deposited, based on the following criterion: *structures with the lowest energy*.

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

Software name	Classification	Version
CNS	structure solution	
TALOS	geometry optimization	
TALOS	refinement	

No chemical shift data was provided.

6 Model quality [i](#)

6.1 Standard geometry [i](#)

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	#Z>5	RMSZ	#Z>5
1	A	0.40±0.01	0±0/1004 (0.0± 0.0%)	1.16±0.03	5±0/1359 (0.4± 0.0%)
All	All	0.40	0/40160 (0.0%)	1.16	214/54360 (0.4%)

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	2.0±0.0
All	All	0	80

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	98	PRO	CA-N-CD	-24.50	77.69	112.00	3	40
1	A	97	ILE	CA-C-N	18.25	140.56	120.66	8	40
1	A	97	ILE	C-N-CA	18.25	140.56	120.66	8	40
1	A	97	ILE	CA-C-O	-8.83	111.35	119.82	34	40
1	A	97	ILE	C-N-CD	-6.78	97.22	125.00	18	40
1	A	75	VAL	N-CA-C	6.13	116.44	108.35	6	5
1	A	44	VAL	N-CA-C	5.52	112.12	106.21	8	3
1	A	97	ILE	O-C-N	-5.29	115.06	121.10	32	6

There are no chirality outliers.

All unique planar outliers are listed below.

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	97	ILE	Peptide,Mainchain	40

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	978	949	944	132±13
All	All	39120	37960	37760	5274

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 69.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:ILE:O	1:A:25:TRP:N	1.18	1.76	2	2
1:A:67:ILE:HG23	1:A:136:MET:HE1	1.07	1.10	8	3
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:HD11	1.07	1.15	16	5
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:HD11	1.06	1.28	21	2
1:A:28:LEU:HD12	1:A:79:LEU:HD21	1.05	1.29	39	3
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:HD22	1.03	1.25	26	13
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:CG	1.02	2.08	14	1
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:HG22	1.00	1.32	33	12
1:A:101:LEU:HD23	1:A:109:VAL:HG21	0.98	1.35	9	7
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:HG3	0.96	1.32	8	9
1:A:70:LEU:HD22	1:A:70:LEU:O	0.96	1.60	20	5
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:HD23	0.95	1.36	27	1
1:A:130:GLU:O	1:A:133:VAL:HG12	0.95	1.62	26	40
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:HB3	0.95	1.62	8	26
1:A:40:LEU:HD11	1:A:75:VAL:HG12	0.93	1.39	19	6
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:CG	0.93	1.94	7	17
1:A:57:LEU:HD12	1:A:58:LYS:N	0.91	1.79	28	6
1:A:46:ILE:HD13	1:A:90:PHE:CD2	0.90	2.01	23	1
1:A:100:ILE:HG21	1:A:126:TYR:CD2	0.90	2.01	30	5
1:A:113:ILE:HD13	1:A:143:LEU:HD22	0.90	1.43	24	9
1:A:67:ILE:HG23	1:A:71:SER:CB	0.90	1.96	9	5
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:CE1	0.90	2.02	35	23
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:HD21	0.89	1.66	3	2
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:CD2	0.89	2.03	39	4
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:HA	0.88	1.45	24	27
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:HE3	0.88	1.45	36	8
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:CZ	0.88	2.04	31	20

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:CB	0.88	2.22	14	12
1:A:101:LEU:HD22	1:A:124:TYR:CD2	0.87	2.03	26	3
1:A:53:ALA:HB2	1:A:125:PHE:CE1	0.87	2.04	30	5
1:A:101:LEU:C	1:A:101:LEU:HD23	0.87	1.95	36	1
1:A:44:VAL:HG12	1:A:101:LEU:O	0.86	1.71	18	1
1:A:42:LEU:HD12	1:A:77:VAL:HG21	0.86	1.45	22	1
1:A:57:LEU:HD23	1:A:58:LYS:N	0.85	1.86	10	2
1:A:42:LEU:HD22	1:A:77:VAL:HG21	0.84	1.49	30	5
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:CD2	0.84	2.07	13	3
1:A:126:TYR:CD1	1:A:132:VAL:HG12	0.84	2.07	30	8
1:A:79:LEU:HD21	1:A:90:PHE:CZ	0.84	2.08	23	2
1:A:45:ILE:HD11	1:A:76:MET:HG2	0.84	1.50	2	1
1:A:24:HIS:ND1	1:A:45:ILE:HD12	0.83	1.87	15	4
1:A:74:PHE:CZ	1:A:136:MET:HE3	0.83	2.07	6	2
1:A:44:VAL:HG21	1:A:109:VAL:HG11	0.83	1.49	36	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:75:VAL:CG1	0.83	2.03	4	4
1:A:43:MET:HE1	1:A:102:PHE:CD1	0.82	2.09	2	6
1:A:100:ILE:O	1:A:101:LEU:HD12	0.82	1.73	32	16
1:A:102:PHE:CD2	1:A:113:ILE:HG22	0.82	2.10	30	3
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:HD21	0.82	1.50	9	5
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:HD22	0.82	1.75	39	12
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:CD2	0.82	2.10	10	15
1:A:28:LEU:HD12	1:A:77:VAL:HG12	0.82	1.52	35	2
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HD11	0.82	2.04	16	6
1:A:100:ILE:HD11	1:A:126:TYR:CE1	0.82	2.09	10	4
1:A:45:ILE:HG23	1:A:78:ASN:HB2	0.82	1.50	14	7
1:A:97:ILE:HB	1:A:98:PRO:HD2	0.82	1.52	20	17
1:A:75:VAL:HG22	1:A:76:MET:CG	0.82	2.04	21	10
1:A:100:ILE:HD11	1:A:126:TYR:CD1	0.82	2.10	23	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:75:VAL:HG12	0.81	2.05	15	5
1:A:44:VAL:HG11	1:A:109:VAL:HG22	0.81	1.53	30	1
1:A:42:LEU:CB	1:A:103:LEU:HD21	0.81	2.05	22	17
1:A:42:LEU:HD23	1:A:75:VAL:O	0.81	1.75	15	1
1:A:45:ILE:HD11	1:A:76:MET:CG	0.81	2.06	2	1
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:HD13	0.81	1.51	8	12
1:A:126:TYR:CD2	1:A:132:VAL:HG12	0.80	2.11	12	4
1:A:64:SER:OG	1:A:67:ILE:HD12	0.80	1.76	34	24
1:A:42:LEU:HB2	1:A:103:LEU:HD21	0.80	1.53	40	18
1:A:96:TYR:CE1	1:A:99:ARG:HB2	0.80	2.11	10	2
1:A:113:ILE:HG13	1:A:143:LEU:HD21	0.79	1.53	40	5
1:A:79:LEU:HD21	1:A:90:PHE:CE2	0.79	2.12	34	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:45:ILE:O	1:A:78:ASN:HA	0.79	1.78	34	23
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:HG3	0.79	1.74	14	1
1:A:43:MET:HE1	1:A:102:PHE:CE1	0.79	2.13	29	3
1:A:67:ILE:HG23	1:A:136:MET:HE3	0.79	1.51	19	3
1:A:101:LEU:CD2	1:A:109:VAL:HG12	0.79	2.06	36	1
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:SD	0.79	2.17	3	11
1:A:75:VAL:HG22	1:A:76:MET:HG2	0.79	1.53	27	17
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:CB	0.78	2.07	33	12
1:A:45:ILE:HG22	1:A:47:HIS:NE2	0.78	1.92	13	9
1:A:45:ILE:HG22	1:A:100:ILE:CG2	0.78	2.07	8	1
1:A:100:ILE:HG22	1:A:124:TYR:O	0.78	1.78	1	3
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:NZ	0.78	1.94	17	2
1:A:58:LYS:O	1:A:62:ALA:HB2	0.78	1.77	1	23
1:A:101:LEU:HD21	1:A:109:VAL:HG12	0.78	1.53	36	1
1:A:102:PHE:C	1:A:103:LEU:HD23	0.78	2.04	7	6
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:HG3	0.78	2.08	22	4
1:A:79:LEU:HD11	1:A:83:GLU:O	0.78	1.78	27	3
1:A:100:ILE:C	1:A:101:LEU:HD12	0.78	2.03	1	18
1:A:44:VAL:HG12	1:A:46:ILE:HD11	0.78	1.53	28	7
1:A:57:LEU:HD23	1:A:57:LEU:C	0.78	2.04	10	1
1:A:46:ILE:HD13	1:A:79:LEU:HD23	0.77	1.57	32	1
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:HG22	0.77	1.57	8	2
1:A:28:LEU:CD1	1:A:79:LEU:HD21	0.77	2.08	39	3
1:A:26:ARG:HG3	1:A:27:THR:HG22	0.77	1.57	27	5
1:A:92:PRO:HD3	1:A:101:LEU:HD21	0.76	1.57	35	7
1:A:53:ALA:HB2	1:A:125:PHE:CD1	0.76	2.14	30	3
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:HA	0.76	1.58	7	27
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:CD2	0.76	2.11	22	14
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:ND1	0.76	1.95	25	12
1:A:40:LEU:HD22	1:A:74:PHE:HA	0.76	1.58	1	10
1:A:43:MET:HG2	1:A:100:ILE:HD11	0.76	1.57	1	1
1:A:40:LEU:O	1:A:40:LEU:HD12	0.76	1.81	34	26
1:A:100:ILE:C	1:A:101:LEU:HD23	0.76	2.04	26	6
1:A:128:SER:O	1:A:132:VAL:HG13	0.76	1.80	6	17
1:A:28:LEU:HD23	1:A:77:VAL:HG13	0.76	1.58	10	2
1:A:79:LEU:HD12	1:A:80:GLU:N	0.75	1.95	37	9
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:HB2	0.75	1.56	16	9
1:A:100:ILE:C	1:A:101:LEU:HD13	0.75	2.07	11	5
1:A:44:VAL:HG13	1:A:101:LEU:HB2	0.75	1.58	20	2
1:A:67:ILE:HA	1:A:70:LEU:CD1	0.75	2.11	29	2
1:A:126:TYR:O	1:A:127:VAL:HG13	0.75	1.82	37	18

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:LEU:HD12	1:A:41:PRO:O	0.75	1.80	10	8
1:A:24:HIS:CB	1:A:45:ILE:HD12	0.75	2.12	23	6
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:HG13	0.75	1.58	36	1
1:A:48:LYS:HE3	1:A:79:LEU:HD11	0.75	1.57	37	1
1:A:43:MET:C	1:A:77:VAL:HG23	0.75	2.06	29	3
1:A:67:ILE:HG23	1:A:136:MET:SD	0.75	2.22	6	1
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:HB	0.75	1.59	7	1
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:CG	0.74	2.15	35	3
1:A:53:ALA:HB2	1:A:125:PHE:CE2	0.74	2.17	21	2
1:A:23:ILE:HG23	1:A:136:MET:HE1	0.74	1.59	16	2
1:A:113:ILE:HD11	1:A:143:LEU:HD21	0.74	1.58	25	3
1:A:42:LEU:HD12	1:A:77:VAL:CG2	0.74	2.12	22	1
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:HB2	0.74	1.58	17	10
1:A:42:LEU:HD23	1:A:77:VAL:HG11	0.74	1.59	29	1
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:CE2	0.74	2.18	13	2
1:A:40:LEU:HD13	1:A:74:PHE:CA	0.74	2.12	12	10
1:A:67:ILE:HG23	1:A:71:SER:HB2	0.74	1.58	9	3
1:A:129:ALA:O	1:A:132:VAL:HG22	0.73	1.83	32	13
1:A:42:LEU:O	1:A:103:LEU:HD12	0.73	1.83	16	2
1:A:45:ILE:HG12	1:A:100:ILE:HG23	0.73	1.60	9	8
1:A:43:MET:O	1:A:76:MET:HB3	0.73	1.83	23	5
1:A:96:TYR:CE2	1:A:99:ARG:HB2	0.73	2.19	15	21
1:A:103:LEU:CB	1:A:109:VAL:HA	0.73	2.14	36	26
1:A:127:VAL:O	1:A:127:VAL:HG13	0.73	1.81	13	9
1:A:115:ASN:HB3	1:A:123:LYS:O	0.72	1.83	26	15
1:A:67:ILE:HG23	1:A:136:MET:CE	0.72	2.04	8	6
1:A:40:LEU:HD13	1:A:74:PHE:HA	0.72	1.61	12	19
1:A:42:LEU:HD12	1:A:103:LEU:HD11	0.72	1.60	34	7
1:A:23:ILE:HG23	1:A:71:SER:OG	0.72	1.83	13	5
1:A:41:PRO:CB	1:A:143:LEU:HD21	0.72	2.14	4	1
1:A:139:ALA:HB1	1:A:143:LEU:HD23	0.72	1.59	33	5
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:HG13	0.72	1.62	21	7
1:A:96:TYR:O	1:A:97:ILE:HG23	0.72	1.83	26	3
1:A:24:HIS:C	1:A:76:MET:HA	0.72	2.09	9	22
1:A:103:LEU:HD12	1:A:108:LYS:N	0.72	1.99	17	6
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:CG1	0.72	2.14	29	9
1:A:40:LEU:HD21	1:A:72:HIS:O	0.72	1.83	35	1
1:A:22:HIS:O	1:A:25:TRP:CD1	0.72	2.42	40	12
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:CE2	0.72	2.19	23	8
1:A:67:ILE:CG2	1:A:136:MET:HE1	0.72	2.02	26	2
1:A:45:ILE:HG22	1:A:100:ILE:HG23	0.72	1.58	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:42:LEU:HA	1:A:75:VAL:O	0.72	1.85	37	8
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HD21	0.72	2.13	9	2
1:A:26:ARG:N	1:A:76:MET:HB2	0.72	1.99	39	24
1:A:49:SER:HB2	1:A:97:ILE:HD12	0.72	1.61	18	7
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:CD1	0.72	2.18	37	2
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:HG12	0.72	1.60	13	6
1:A:40:LEU:HD11	1:A:72:HIS:O	0.72	1.84	21	1
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:N	0.71	1.99	23	34
1:A:103:LEU:HB2	1:A:108:LYS:C	0.71	2.10	36	19
1:A:42:LEU:HD22	1:A:77:VAL:CG2	0.71	2.15	25	5
1:A:28:LEU:HD12	1:A:77:VAL:HG13	0.71	1.62	27	3
1:A:79:LEU:HD13	1:A:80:GLU:N	0.71	1.99	16	1
1:A:100:ILE:HD11	1:A:115:ASN:HB2	0.71	1.61	39	1
1:A:75:VAL:HG22	1:A:76:MET:HG3	0.71	1.61	21	1
1:A:23:ILE:O	1:A:25:TRP:CG	0.71	2.44	2	1
1:A:40:LEU:HB2	1:A:73:ASN:O	0.71	1.85	9	4
1:A:100:ILE:HG21	1:A:126:TYR:CE2	0.71	2.20	33	4
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:N	0.71	2.01	2	1
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:HG23	0.71	1.62	23	1
1:A:44:VAL:CG1	1:A:46:ILE:HD11	0.71	2.15	34	5
1:A:49:SER:CB	1:A:97:ILE:HD12	0.71	2.16	39	7
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:CG	0.71	2.15	16	10
1:A:28:LEU:HD23	1:A:28:LEU:O	0.71	1.86	2	5
1:A:64:SER:HA	1:A:67:ILE:HG23	0.71	1.61	2	1
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:HD13	0.71	1.85	27	7
1:A:79:LEU:HD21	1:A:85:PRO:HG3	0.70	1.61	13	3
1:A:42:LEU:CB	1:A:103:LEU:HD11	0.70	2.16	37	1
1:A:23:ILE:O	1:A:24:HIS:C	0.70	2.33	34	2
1:A:143:LEU:O	1:A:143:LEU:HD12	0.70	1.87	14	2
1:A:113:ILE:HG21	1:A:139:ALA:HB2	0.70	1.63	6	2
1:A:41:PRO:CB	1:A:143:LEU:HD11	0.70	2.15	33	3
1:A:102:PHE:O	1:A:111:PRO:CD	0.70	2.39	36	1
1:A:22:HIS:CE1	1:A:65:THR:HG23	0.70	2.22	2	1
1:A:60:LYS:HG3	1:A:129:ALA:HB3	0.70	1.61	7	4
1:A:113:ILE:HG21	1:A:139:ALA:CB	0.70	2.16	6	6
1:A:140:GLN:O	1:A:144:THR:HG23	0.70	1.86	32	8
1:A:79:LEU:HD11	1:A:84:GLU:HA	0.70	1.61	11	1
1:A:44:VAL:HG13	1:A:101:LEU:CB	0.70	2.17	30	2
1:A:46:ILE:HG22	1:A:98:PRO:HB2	0.70	1.64	4	29
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:CE	0.70	2.15	36	6
1:A:100:ILE:HG23	1:A:124:TYR:O	0.69	1.87	36	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:128:SER:O	1:A:132:VAL:HG12	0.69	1.86	8	8
1:A:77:VAL:HG12	1:A:77:VAL:O	0.69	1.86	32	16
1:A:70:LEU:HD22	1:A:70:LEU:C	0.69	2.13	9	5
1:A:101:LEU:C	1:A:101:LEU:CD2	0.69	2.65	36	1
1:A:42:LEU:HD22	1:A:75:VAL:CG1	0.69	2.17	40	1
1:A:31:GLY:CA	1:A:75:VAL:HG11	0.69	2.18	1	8
1:A:44:VAL:HB	1:A:103:LEU:HD21	0.69	1.63	21	2
1:A:53:ALA:HB2	1:A:126:TYR:O	0.69	1.86	7	6
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:HB3	0.69	1.88	31	14
1:A:101:LEU:CD2	1:A:109:VAL:HG21	0.69	2.18	40	3
1:A:43:MET:CG	1:A:100:ILE:HD11	0.69	2.17	1	2
1:A:125:PHE:CZ	1:A:127:VAL:HG13	0.68	2.23	36	3
1:A:45:ILE:HG22	1:A:47:HIS:CE1	0.68	2.23	21	6
1:A:53:ALA:HB1	1:A:126:TYR:CE2	0.68	2.23	15	1
1:A:113:ILE:HD11	1:A:143:LEU:HD13	0.68	1.65	2	5
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:HB3	0.68	1.64	10	6
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:HD22	0.68	1.88	8	5
1:A:23:ILE:HG23	1:A:24:HIS:H	0.68	1.48	26	2
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:CG2	0.68	2.15	10	6
1:A:31:GLY:CA	1:A:75:VAL:HG21	0.68	2.18	11	5
1:A:96:TYR:CZ	1:A:99:ARG:HB2	0.68	2.23	23	7
1:A:42:LEU:HD12	1:A:77:VAL:HG11	0.68	1.66	21	1
1:A:46:ILE:HG23	1:A:79:LEU:O	0.68	1.89	8	25
1:A:74:PHE:CD1	1:A:76:MET:HE1	0.68	2.24	1	4
1:A:42:LEU:HD13	1:A:105:PRO:HA	0.68	1.65	35	7
1:A:35:ALA:HB1	1:A:40:LEU:O	0.68	1.87	13	16
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:HZ3	0.68	1.49	17	1
1:A:24:HIS:ND1	1:A:76:MET:HG3	0.68	2.04	37	1
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HD13	0.67	2.19	26	10
1:A:101:LEU:HD13	1:A:109:VAL:HG21	0.67	1.66	16	5
1:A:42:LEU:HB3	1:A:103:LEU:HD11	0.67	1.65	37	1
1:A:42:LEU:HB3	1:A:77:VAL:HG21	0.67	1.66	13	3
1:A:60:LYS:HD2	1:A:129:ALA:HB3	0.67	1.65	28	2
1:A:40:LEU:HD22	1:A:72:HIS:O	0.67	1.89	5	10
1:A:42:LEU:HD23	1:A:75:VAL:HG13	0.67	1.65	4	3
1:A:25:TRP:HB3	1:A:76:MET:HB2	0.67	1.66	2	1
1:A:101:LEU:CD1	1:A:109:VAL:HG21	0.67	2.19	38	6
1:A:43:MET:HE2	1:A:45:ILE:CG1	0.67	2.19	9	2
1:A:43:MET:HE3	1:A:102:PHE:CG	0.67	2.25	18	2
1:A:126:TYR:CE1	1:A:132:VAL:HG12	0.67	2.24	38	4
1:A:101:LEU:HD23	1:A:109:VAL:HG11	0.67	1.65	31	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:VAL:HA	1:A:77:VAL:O	0.67	1.90	39	13
1:A:100:ILE:HD12	1:A:126:TYR:HB2	0.67	1.66	38	2
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:CB	0.67	2.19	7	2
1:A:45:ILE:CG2	1:A:100:ILE:HG22	0.67	2.17	33	6
1:A:103:LEU:N	1:A:103:LEU:HD23	0.67	2.05	18	3
1:A:126:TYR:CE2	1:A:132:VAL:HG12	0.67	2.24	18	1
1:A:45:ILE:HD11	1:A:47:HIS:CE1	0.67	2.24	14	2
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:CD1	0.66	2.26	35	3
1:A:24:HIS:CA	1:A:76:MET:HA	0.66	2.21	30	25
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:HG23	0.66	1.89	22	19
1:A:75:VAL:HG23	1:A:76:MET:HE2	0.66	1.64	8	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:42:LEU:N	0.66	2.05	28	3
1:A:45:ILE:HG23	1:A:78:ASN:CA	0.66	2.20	34	1
1:A:113:ILE:CD1	1:A:143:LEU:HD13	0.66	2.20	2	3
1:A:42:LEU:HA	1:A:75:VAL:HG12	0.66	1.68	20	8
1:A:25:TRP:HB3	1:A:78:ASN:CB	0.66	2.21	13	13
1:A:40:LEU:HD23	1:A:41:PRO:HD2	0.66	1.66	35	2
1:A:70:LEU:HD11	1:A:136:MET:HE1	0.66	1.68	33	1
1:A:43:MET:HE3	1:A:102:PHE:CD2	0.66	2.26	16	1
1:A:112:GLU:O	1:A:114:ILE:HD13	0.66	1.90	23	7
1:A:43:MET:O	1:A:77:VAL:HG23	0.66	1.90	29	3
1:A:25:TRP:HA	1:A:77:VAL:HA	0.65	1.68	36	1
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:HG2	0.65	1.68	23	5
1:A:22:HIS:O	1:A:23:ILE:HG13	0.65	1.91	37	7
1:A:113:ILE:HG13	1:A:143:LEU:HD22	0.65	1.67	15	7
1:A:103:LEU:HD13	1:A:109:VAL:N	0.65	2.07	21	2
1:A:113:ILE:CD1	1:A:143:LEU:HD21	0.65	2.21	18	4
1:A:114:ILE:HD12	1:A:123:LYS:HG3	0.65	1.66	15	6
1:A:46:ILE:HG21	1:A:98:PRO:HB2	0.65	1.66	37	3
1:A:46:ILE:CD1	1:A:79:LEU:HD23	0.65	2.20	32	1
1:A:70:LEU:C	1:A:136:MET:HE2	0.65	2.16	6	1
1:A:42:LEU:HD12	1:A:107:GLY:N	0.65	2.07	30	2
1:A:74:PHE:CG	1:A:76:MET:HE1	0.65	2.27	19	1
1:A:57:LEU:O	1:A:61:PHE:HB3	0.65	1.90	26	28
1:A:46:ILE:CG2	1:A:98:PRO:HB2	0.65	2.22	16	19
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:HD11	0.64	1.91	22	4
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:HA	0.64	1.67	23	2
1:A:75:VAL:CG2	1:A:76:MET:SD	0.64	2.85	33	10
1:A:71:SER:OG	1:A:136:MET:HE2	0.64	1.92	33	2
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:CA	0.64	2.22	19	8
1:A:70:LEU:O	1:A:73:ASN:ND2	0.64	2.30	32	24

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:43:MET:HE1	1:A:102:PHE:CE2	0.64	2.27	13	6
1:A:97:ILE:CG1	1:A:97:ILE:O	0.64	2.46	38	14
1:A:57:LEU:O	1:A:61:PHE:HB2	0.64	1.91	38	1
1:A:110:HIS:H	1:A:111:PRO:HD3	0.64	1.52	36	1
1:A:23:ILE:HG21	1:A:61:PHE:CE1	0.64	2.28	14	1
1:A:43:MET:HE2	1:A:100:ILE:HG22	0.64	1.70	37	1
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:N	0.64	2.08	7	3
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:CG	0.64	2.28	37	1
1:A:100:ILE:O	1:A:101:LEU:HD23	0.64	1.93	5	7
1:A:46:ILE:HG22	1:A:98:PRO:CB	0.64	2.22	4	12
1:A:26:ARG:HG3	1:A:76:MET:HB3	0.64	1.68	30	6
1:A:28:LEU:HG	1:A:77:VAL:HG13	0.64	1.70	4	5
1:A:46:ILE:HG23	1:A:79:LEU:HG	0.64	1.70	34	4
1:A:40:LEU:HD13	1:A:40:LEU:N	0.64	2.08	14	1
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:CE1	0.64	2.27	25	5
1:A:31:GLY:HA2	1:A:75:VAL:HG11	0.64	1.68	12	5
1:A:57:LEU:O	1:A:61:PHE:CB	0.63	2.45	38	35
1:A:60:LYS:HG3	1:A:129:ALA:HB2	0.63	1.70	4	2
1:A:26:ARG:HG2	1:A:76:MET:HE3	0.63	1.67	8	1
1:A:43:MET:HG3	1:A:45:ILE:HG23	0.63	1.69	8	1
1:A:125:PHE:CE2	1:A:127:VAL:HG13	0.63	2.29	36	4
1:A:103:LEU:HD22	1:A:107:GLY:C	0.63	2.18	35	2
1:A:26:ARG:HD3	1:A:27:THR:HG22	0.63	1.69	38	2
1:A:43:MET:SD	1:A:100:ILE:HD11	0.63	2.33	2	1
1:A:75:VAL:CG2	1:A:76:MET:HE2	0.63	2.24	7	5
1:A:103:LEU:HD23	1:A:103:LEU:N	0.63	2.08	19	7
1:A:23:ILE:O	1:A:23:ILE:HG22	0.63	1.93	2	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:73:ASN:O	0.63	1.93	33	3
1:A:24:HIS:HB3	1:A:75:VAL:HG12	0.63	1.69	2	1
1:A:40:LEU:C	1:A:40:LEU:HD12	0.63	2.18	4	4
1:A:23:ILE:HG21	1:A:61:PHE:CZ	0.63	2.28	14	3
1:A:28:LEU:HD13	1:A:79:LEU:HD21	0.63	1.70	3	1
1:A:42:LEU:CG	1:A:103:LEU:HD21	0.63	2.23	12	6
1:A:101:LEU:HD12	1:A:109:VAL:HG21	0.63	1.70	27	4
1:A:25:TRP:CB	1:A:76:MET:O	0.62	2.46	2	1
1:A:46:ILE:HG12	1:A:79:LEU:HB3	0.62	1.71	16	10
1:A:23:ILE:HD13	1:A:64:SER:OG	0.62	1.93	32	1
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:CB	0.62	2.24	16	10
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:SD	0.62	2.57	8	2
1:A:101:LEU:HD23	1:A:109:VAL:CG2	0.62	2.19	25	3
1:A:40:LEU:HD22	1:A:73:ASN:C	0.62	2.19	18	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:70:LEU:HD13	1:A:71:SER:N	0.62	2.09	29	2
1:A:41:PRO:HB3	1:A:143:LEU:HD11	0.62	1.72	22	4
1:A:101:LEU:HD12	1:A:109:VAL:CG2	0.62	2.25	26	3
1:A:101:LEU:HB3	1:A:124:TYR:CD1	0.62	2.29	7	4
1:A:103:LEU:HD13	1:A:109:VAL:HG23	0.62	1.72	33	3
1:A:101:LEU:HD23	1:A:101:LEU:O	0.62	1.93	36	1
1:A:112:GLU:O	1:A:113:ILE:C	0.62	2.42	36	1
1:A:49:SER:HB3	1:A:97:ILE:HD12	0.62	1.71	40	2
1:A:44:VAL:HG22	1:A:77:VAL:HB	0.62	1.72	25	1
1:A:45:ILE:HB	1:A:100:ILE:HD12	0.62	1.72	36	1
1:A:53:ALA:HA	1:A:127:VAL:HG12	0.62	1.71	9	1
1:A:43:MET:HE1	1:A:102:PHE:CD2	0.62	2.30	3	3
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:HD21	0.62	2.29	22	1
1:A:31:GLY:C	1:A:75:VAL:HG21	0.61	2.20	11	1
1:A:44:VAL:HG12	1:A:46:ILE:CD1	0.61	2.25	37	2
1:A:40:LEU:CD2	1:A:74:PHE:HA	0.61	2.25	16	3
1:A:25:TRP:N	1:A:76:MET:CB	0.61	2.63	8	2
1:A:42:LEU:HD22	1:A:75:VAL:HG12	0.61	1.70	40	1
1:A:43:MET:HE2	1:A:45:ILE:HG13	0.61	1.71	6	4
1:A:46:ILE:HD12	1:A:90:PHE:HA	0.61	1.72	32	3
1:A:97:ILE:CB	1:A:98:PRO:HD2	0.61	2.21	20	19
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:HB2	0.61	1.70	27	1
1:A:42:LEU:O	1:A:103:LEU:HD23	0.61	1.96	1	17
1:A:24:HIS:CG	1:A:45:ILE:HD12	0.61	2.30	16	6
1:A:27:THR:HG23	1:A:30:ASP:HB2	0.61	1.71	26	2
1:A:40:LEU:HD13	1:A:75:VAL:N	0.61	2.11	15	5
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:HB2	0.61	1.71	11	6
1:A:40:LEU:HD13	1:A:74:PHE:C	0.61	2.21	15	10
1:A:46:ILE:HD12	1:A:99:ARG:O	0.61	1.96	16	2
1:A:46:ILE:HD13	1:A:90:PHE:CG	0.61	2.30	23	1
1:A:79:LEU:HD11	1:A:90:PHE:CE2	0.61	2.30	23	1
1:A:74:PHE:CE1	1:A:76:MET:HE2	0.61	2.31	17	1
1:A:25:TRP:HB3	1:A:78:ASN:HB3	0.61	1.71	28	26
1:A:58:LYS:HB2	1:A:59:PRO:HD3	0.60	1.72	26	17
1:A:45:ILE:O	1:A:78:ASN:ND2	0.60	2.34	31	16
1:A:42:LEU:HB3	1:A:103:LEU:HD21	0.60	1.72	22	7
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:CB	0.60	2.79	38	5
1:A:102:PHE:CD1	1:A:113:ILE:HG22	0.60	2.30	27	4
1:A:96:TYR:CE2	1:A:99:ARG:HG2	0.60	2.32	25	4
1:A:24:HIS:CD2	1:A:76:MET:HG3	0.60	2.30	12	4
1:A:44:VAL:HG21	1:A:109:VAL:HG23	0.60	1.70	26	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:102:PHE:CD2	1:A:113:ILE:HG21	0.60	2.31	28	1
1:A:44:VAL:HG22	1:A:77:VAL:CG1	0.60	2.26	40	1
1:A:42:LEU:HD11	1:A:107:GLY:H	0.60	1.55	20	1
1:A:25:TRP:CH2	1:A:61:PHE:CE1	0.60	2.89	34	2
1:A:42:LEU:HB2	1:A:103:LEU:CD2	0.60	2.27	39	5
1:A:139:ALA:HB1	1:A:143:LEU:CB	0.60	2.26	29	3
1:A:25:TRP:HB2	1:A:76:MET:O	0.60	1.96	2	1
1:A:114:ILE:HD12	1:A:123:LYS:CG	0.60	2.27	12	5
1:A:23:ILE:CG2	1:A:136:MET:HE1	0.60	2.27	16	1
1:A:45:ILE:HG23	1:A:78:ASN:HA	0.60	1.71	34	1
1:A:28:LEU:HD12	1:A:77:VAL:CG1	0.60	2.26	8	3
1:A:58:LYS:HB2	1:A:59:PRO:CD	0.60	2.27	35	12
1:A:114:ILE:HB	1:A:123:LYS:HB3	0.60	1.71	22	7
1:A:46:ILE:HD13	1:A:98:PRO:HB3	0.60	1.73	16	1
1:A:43:MET:HB3	1:A:76:MET:HB3	0.60	1.74	37	8
1:A:102:PHE:HB3	1:A:113:ILE:HB	0.60	1.73	3	3
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:HD23	0.60	1.97	34	14
1:A:101:LEU:HD13	1:A:124:TYR:CE2	0.60	2.31	26	1
1:A:100:ILE:O	1:A:124:TYR:CD1	0.59	2.55	30	10
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HD22	0.59	2.15	26	7
1:A:113:ILE:HD11	1:A:143:LEU:CD2	0.59	2.26	25	3
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:CD1	0.59	2.32	12	6
1:A:44:VAL:CG2	1:A:109:VAL:HG11	0.59	2.25	36	1
1:A:102:PHE:O	1:A:111:PRO:HD3	0.59	1.98	36	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:74:PHE:HA	0.59	1.74	11	1
1:A:24:HIS:HB2	1:A:45:ILE:HD12	0.59	1.74	23	2
1:A:103:LEU:HD23	1:A:109:VAL:CA	0.59	2.28	24	1
1:A:103:LEU:HB2	1:A:109:VAL:N	0.59	2.12	36	4
1:A:125:PHE:CE1	1:A:127:VAL:HG13	0.59	2.33	21	3
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:CG	0.59	2.33	28	21
1:A:97:ILE:O	1:A:97:ILE:HG12	0.59	1.98	38	11
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:C	0.59	2.22	34	1
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:CA	0.59	2.28	34	1
1:A:101:LEU:HD13	1:A:101:LEU:N	0.59	2.12	4	3
1:A:42:LEU:HD23	1:A:75:VAL:HG12	0.59	1.74	25	3
1:A:70:LEU:CD1	1:A:136:MET:HE1	0.59	2.26	33	1
1:A:89:ASP:C	1:A:101:LEU:HD21	0.59	2.23	3	1
1:A:47:HIS:CD2	1:A:47:HIS:N	0.59	2.71	36	20
1:A:79:LEU:HD21	1:A:85:PRO:CG	0.59	2.28	13	2
1:A:45:ILE:HG23	1:A:45:ILE:O	0.59	1.97	36	1
1:A:25:TRP:O	1:A:26:ARG:C	0.58	2.44	14	25

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:22:HIS:C	1:A:23:ILE:HD12	0.58	2.23	11	8
1:A:24:HIS:O	1:A:26:ARG:N	0.58	2.36	2	1
1:A:75:VAL:HG22	1:A:76:MET:SD	0.58	2.37	25	4
1:A:103:LEU:HD13	1:A:109:VAL:HG22	0.58	1.75	36	1
1:A:44:VAL:HG13	1:A:44:VAL:O	0.58	1.98	30	3
1:A:133:VAL:HG22	1:A:137:LYS:HE3	0.58	1.75	5	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:74:PHE:HA	0.58	2.28	29	7
1:A:100:ILE:HD12	1:A:126:TYR:CG	0.58	2.32	24	1
1:A:127:VAL:O	1:A:128:SER:CB	0.58	2.52	37	29
1:A:42:LEU:HD13	1:A:75:VAL:O	0.58	1.97	23	1
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:HG22	0.58	1.75	19	2
1:A:48:LYS:CE	1:A:79:LEU:HD11	0.58	2.27	37	1
1:A:43:MET:O	1:A:77:VAL:HB	0.58	1.99	10	3
1:A:103:LEU:HD12	1:A:107:GLY:HA2	0.58	1.74	7	1
1:A:140:GLN:O	1:A:144:THR:HG22	0.58	1.99	21	1
1:A:100:ILE:O	1:A:124:TYR:HB3	0.58	1.99	11	3
1:A:25:TRP:HB3	1:A:76:MET:CB	0.58	2.28	2	1
1:A:25:TRP:C	1:A:27:THR:H	0.58	2.07	2	2
1:A:27:THR:H	1:A:76:MET:HB2	0.58	1.59	21	3
1:A:90:PHE:C	1:A:101:LEU:HD21	0.58	2.23	15	3
1:A:31:GLY:HA2	1:A:75:VAL:HG21	0.58	1.75	29	8
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:CB	0.58	2.29	11	1
1:A:42:LEU:HD13	1:A:75:VAL:HG12	0.58	1.75	22	1
1:A:58:LYS:CB	1:A:59:PRO:CD	0.58	2.82	3	26
1:A:84:GLU:N	1:A:85:PRO:HD2	0.58	2.14	5	1
1:A:101:LEU:CD1	1:A:101:LEU:N	0.58	2.67	18	6
1:A:26:ARG:CB	1:A:75:VAL:HG23	0.58	2.28	16	2
1:A:45:ILE:HG13	1:A:100:ILE:HG22	0.58	1.76	34	2
1:A:25:TRP:HE3	1:A:78:ASN:HB2	0.57	1.59	36	14
1:A:119:ASN:HB2	1:A:122:TYR:CE2	0.57	2.34	10	1
1:A:75:VAL:CG2	1:A:76:MET:HG2	0.57	2.29	32	3
1:A:24:HIS:HB2	1:A:25:TRP:CZ3	0.57	2.34	37	35
1:A:70:LEU:HD23	1:A:136:MET:SD	0.57	2.38	36	2
1:A:89:ASP:O	1:A:109:VAL:HG11	0.57	1.99	37	1
1:A:103:LEU:HD12	1:A:103:LEU:N	0.57	2.14	25	1
1:A:113:ILE:HG21	1:A:143:LEU:HD22	0.57	1.74	39	2
1:A:58:LYS:HB3	1:A:59:PRO:HD3	0.57	1.75	38	4
1:A:71:SER:HB3	1:A:76:MET:HE1	0.57	1.75	17	1
1:A:77:VAL:O	1:A:77:VAL:HG12	0.57	1.99	39	2
1:A:34:GLU:OE1	1:A:76:MET:HE1	0.57	1.98	39	3
1:A:100:ILE:HD13	1:A:126:TYR:CZ	0.57	2.35	33	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:71:SER:OG	1:A:76:MET:HE3	0.57	1.99	15	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:HD12	0.57	2.34	35	1
1:A:97:ILE:CD1	1:A:97:ILE:N	0.57	2.67	19	10
1:A:64:SER:O	1:A:67:ILE:N	0.57	2.38	29	40
1:A:26:ARG:N	1:A:76:MET:CB	0.57	2.68	31	22
1:A:43:MET:HE2	1:A:45:ILE:HG12	0.57	1.76	9	2
1:A:46:ILE:HA	1:A:79:LEU:O	0.57	1.99	13	7
1:A:46:ILE:HD13	1:A:90:PHE:HA	0.57	1.76	36	2
1:A:24:HIS:C	1:A:76:MET:H	0.57	2.07	34	1
1:A:63:GLU:C	1:A:65:THR:H	0.57	2.07	29	40
1:A:53:ALA:HB1	1:A:126:TYR:O	0.57	1.99	3	2
1:A:43:MET:HE3	1:A:44:VAL:N	0.57	2.15	4	2
1:A:70:LEU:HD23	1:A:73:ASN:HD21	0.57	1.60	23	3
1:A:28:LEU:HD23	1:A:77:VAL:CG1	0.57	2.29	10	1
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:CD	0.57	2.87	32	4
1:A:44:VAL:O	1:A:100:ILE:HG13	0.57	2.00	36	1
1:A:131:GLN:HA	1:A:134:GLN:CG	0.56	2.30	33	19
1:A:100:ILE:O	1:A:100:ILE:HD13	0.56	1.99	35	1
1:A:23:ILE:C	1:A:25:TRP:N	0.56	2.60	2	2
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:SD	0.56	2.94	7	12
1:A:43:MET:HE3	1:A:43:MET:HA	0.56	1.77	28	6
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:CG	0.56	2.81	22	8
1:A:79:LEU:HD11	1:A:90:PHE:HE2	0.56	1.60	23	1
1:A:22:HIS:HB2	1:A:26:ARG:HG2	0.56	1.75	30	3
1:A:35:ALA:HB2	1:A:75:VAL:HG11	0.56	1.77	39	3
1:A:50:TRP:CZ2	1:A:97:ILE:HD11	0.56	2.35	26	1
1:A:129:ALA:HA	1:A:132:VAL:CG1	0.56	2.30	26	9
1:A:103:LEU:CD2	1:A:109:VAL:HG23	0.56	2.30	23	1
1:A:113:ILE:HD13	1:A:143:LEU:HD11	0.56	1.77	23	1
1:A:57:LEU:HD12	1:A:57:LEU:C	0.56	2.26	6	6
1:A:54:CYS:HA	1:A:57:LEU:HB3	0.56	1.77	19	2
1:A:79:LEU:HD12	1:A:80:GLU:H	0.56	1.60	19	4
1:A:23:ILE:CG2	1:A:24:HIS:CE1	0.56	2.88	40	11
1:A:31:GLY:O	1:A:35:ALA:HB2	0.56	2.00	19	7
1:A:113:ILE:HD13	1:A:143:LEU:CD2	0.56	2.25	34	2
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:CD2	0.56	2.26	38	1
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:HD2	0.56	1.76	2	3
1:A:67:ILE:HG12	1:A:136:MET:HE1	0.56	1.78	9	1
1:A:28:LEU:O	1:A:28:LEU:HD13	0.56	2.00	10	1
1:A:139:ALA:HB1	1:A:143:LEU:HB3	0.56	1.74	11	3
1:A:42:LEU:HD23	1:A:77:VAL:HG21	0.56	1.77	31	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:LEU:HD11	1:A:61:PHE:CD2	0.56	2.36	40	1
1:A:58:LYS:CB	1:A:59:PRO:HD3	0.56	2.31	30	14
1:A:28:LEU:HB2	1:A:77:VAL:HG21	0.56	1.76	19	3
1:A:46:ILE:HG12	1:A:79:LEU:HG	0.56	1.78	1	5
1:A:25:TRP:HD1	1:A:26:ARG:H	0.56	1.43	2	1
1:A:57:LEU:HG	1:A:61:PHE:HB2	0.56	1.78	27	2
1:A:67:ILE:HA	1:A:70:LEU:HD12	0.56	1.77	28	1
1:A:102:PHE:CG	1:A:113:ILE:HG22	0.56	2.36	5	3
1:A:44:VAL:HG11	1:A:109:VAL:CG2	0.56	2.29	30	1
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:HG2	0.55	2.01	2	10
1:A:24:HIS:CG	1:A:43:MET:HG2	0.55	2.36	20	15
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:HG2	0.55	2.00	11	3
1:A:71:SER:O	1:A:74:PHE:O	0.55	2.24	16	24
1:A:113:ILE:CG2	1:A:139:ALA:HB2	0.55	2.31	6	2
1:A:53:ALA:HB1	1:A:100:ILE:HD11	0.55	1.76	13	1
1:A:28:LEU:HA	1:A:77:VAL:HG13	0.55	1.77	35	4
1:A:25:TRP:HB3	1:A:78:ASN:HB2	0.55	1.78	13	5
1:A:26:ARG:HB2	1:A:75:VAL:HG23	0.55	1.78	19	3
1:A:79:LEU:HD13	1:A:83:GLU:O	0.55	2.01	28	1
1:A:114:ILE:HG13	1:A:123:LYS:CD	0.55	2.32	10	6
1:A:46:ILE:HG23	1:A:79:LEU:C	0.55	2.26	21	4
1:A:137:LYS:C	1:A:140:GLN:HG3	0.55	2.27	22	17
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:HD21	0.55	1.78	32	3
1:A:40:LEU:HD13	1:A:73:ASN:O	0.55	2.01	39	1
1:A:40:LEU:HD12	1:A:40:LEU:C	0.55	2.26	12	21
1:A:75:VAL:O	1:A:77:VAL:HG22	0.55	2.02	9	3
1:A:43:MET:HE2	1:A:74:PHE:CB	0.55	2.32	13	1
1:A:23:ILE:HD13	1:A:61:PHE:CE2	0.55	2.36	16	1
1:A:24:HIS:HB2	1:A:76:MET:HG3	0.55	1.78	34	1
1:A:96:TYR:CZ	1:A:122:TYR:CD1	0.55	2.94	36	1
1:A:127:VAL:O	1:A:128:SER:HB2	0.55	2.02	9	2
1:A:24:HIS:C	1:A:25:TRP:CE3	0.55	2.85	25	29
1:A:58:LYS:O	1:A:62:ALA:CB	0.55	2.55	29	3
1:A:100:ILE:HD13	1:A:101:LEU:N	0.55	2.16	1	1
1:A:31:GLY:HA3	1:A:75:VAL:HG21	0.55	1.77	18	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:105:PRO:HA	0.55	1.78	21	1
1:A:23:ILE:HD11	1:A:67:ILE:HG22	0.55	1.77	26	1
1:A:28:LEU:C	1:A:28:LEU:HD13	0.55	2.26	31	1
1:A:75:VAL:HG23	1:A:76:MET:SD	0.55	2.42	7	6
1:A:57:LEU:O	1:A:61:PHE:N	0.55	2.39	1	28
1:A:113:ILE:CG1	1:A:143:LEU:HD21	0.55	2.30	40	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:100:ILE:HD12	1:A:124:TYR:O	0.55	2.02	28	1
1:A:24:HIS:NE2	1:A:43:MET:HE3	0.55	2.16	36	1
1:A:44:VAL:HG12	1:A:44:VAL:O	0.54	2.02	39	5
1:A:113:ILE:HG13	1:A:143:LEU:HD13	0.54	1.79	27	4
1:A:43:MET:HB2	1:A:74:PHE:HB3	0.54	1.77	29	3
1:A:24:HIS:HB2	1:A:45:ILE:HG21	0.54	1.78	14	2
1:A:43:MET:HE3	1:A:76:MET:SD	0.54	2.42	23	1
1:A:24:HIS:O	1:A:78:ASN:N	0.54	2.40	35	7
1:A:100:ILE:HG21	1:A:126:TYR:CE1	0.54	2.38	32	2
1:A:23:ILE:HD13	1:A:61:PHE:CE1	0.54	2.36	12	1
1:A:89:ASP:C	1:A:101:LEU:HD22	0.54	2.26	32	4
1:A:60:LYS:HD3	1:A:128:SER:HA	0.54	1.77	35	5
1:A:23:ILE:HG22	1:A:24:HIS:H	0.54	1.62	9	8
1:A:76:MET:H	1:A:76:MET:HE3	0.54	1.63	13	2
1:A:74:PHE:CD1	1:A:76:MET:HE2	0.54	2.38	17	1
1:A:100:ILE:CG2	1:A:126:TYR:CD1	0.54	2.90	7	3
1:A:96:TYR:C	1:A:96:TYR:CD1	0.54	2.84	26	4
1:A:113:ILE:CD1	1:A:143:LEU:HD11	0.54	2.32	23	2
1:A:113:ILE:HD11	1:A:143:LEU:HD11	0.54	1.79	18	1
1:A:25:TRP:CH2	1:A:61:PHE:CZ	0.54	2.95	36	1
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:CB	0.54	2.55	11	16
1:A:40:LEU:C	1:A:40:LEU:CD2	0.54	2.80	11	1
1:A:96:TYR:OH	1:A:124:TYR:HB2	0.54	2.03	27	5
1:A:42:LEU:HD21	1:A:106:SER:H	0.54	1.63	28	1
1:A:57:LEU:HD22	1:A:60:LYS:HD2	0.54	1.80	37	1
1:A:25:TRP:HA	1:A:78:ASN:H	0.54	1.63	14	3
1:A:25:TRP:CD1	1:A:26:ARG:H	0.54	2.21	2	1
1:A:113:ILE:HG13	1:A:143:LEU:HD11	0.54	1.78	32	1
1:A:28:LEU:C	1:A:28:LEU:HD23	0.54	2.27	8	13
1:A:133:VAL:HA	1:A:136:MET:HE3	0.54	1.78	9	2
1:A:67:ILE:HD13	1:A:136:MET:HE1	0.54	1.79	20	1
1:A:113:ILE:CG1	1:A:143:LEU:HD13	0.54	2.33	27	1
1:A:97:ILE:CB	1:A:98:PRO:CD	0.54	2.85	20	5
1:A:99:ARG:HB3	1:A:124:TYR:HB3	0.54	1.79	33	2
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:N	0.54	2.41	10	5
1:A:28:LEU:CB	1:A:77:VAL:HG21	0.54	2.32	19	2
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:HB2	0.54	1.80	14	1
1:A:57:LEU:HA	1:A:60:LYS:HG2	0.53	1.79	24	7
1:A:26:ARG:C	1:A:27:THR:HG22	0.53	2.27	26	6
1:A:28:LEU:HD13	1:A:32:LYS:HB2	0.53	1.79	11	1
1:A:24:HIS:NE2	1:A:136:MET:HE1	0.53	2.18	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:101:LEU:HD22	1:A:124:TYR:CE2	0.53	2.37	22	1
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:HG3	0.53	2.38	32	1
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:CG	0.53	2.33	28	10
1:A:48:LYS:HB2	1:A:98:PRO:N	0.53	2.18	26	18
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:CA	0.53	2.33	23	2
1:A:114:ILE:HD13	1:A:114:ILE:H	0.53	1.63	28	20
1:A:31:GLY:O	1:A:42:LEU:HD11	0.53	2.03	16	2
1:A:103:LEU:HD23	1:A:109:VAL:HB	0.53	1.79	38	2
1:A:45:ILE:HG23	1:A:78:ASN:CB	0.53	2.33	34	2
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:HG	0.53	2.03	1	6
1:A:101:LEU:HD22	1:A:101:LEU:O	0.53	2.04	4	2
1:A:26:ARG:CG	1:A:76:MET:HE3	0.53	2.32	8	1
1:A:126:TYR:CG	1:A:126:TYR:O	0.53	2.61	11	1
1:A:43:MET:HE2	1:A:74:PHE:CG	0.53	2.39	13	2
1:A:100:ILE:HG21	1:A:126:TYR:HD2	0.53	1.61	34	2
1:A:136:MET:O	1:A:140:GLN:CG	0.53	2.57	8	14
1:A:100:ILE:HD11	1:A:114:ILE:O	0.53	2.04	30	1
1:A:47:HIS:HA	1:A:98:PRO:O	0.53	2.03	1	3
1:A:23:ILE:CG2	1:A:24:HIS:CD2	0.53	2.92	18	10
1:A:100:ILE:HG21	1:A:126:TYR:HE2	0.53	1.63	13	1
1:A:44:VAL:HG22	1:A:77:VAL:HG11	0.53	1.80	3	2
1:A:100:ILE:CD1	1:A:126:TYR:CE2	0.53	2.91	9	2
1:A:103:LEU:HD23	1:A:109:VAL:HG22	0.53	1.81	37	1
1:A:28:LEU:HD13	1:A:28:LEU:C	0.53	2.29	10	1
1:A:45:ILE:HD12	1:A:100:ILE:CG1	0.53	2.33	14	2
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:HE2	0.52	2.04	9	1
1:A:103:LEU:HD12	1:A:108:LYS:H	0.52	1.63	17	2
1:A:25:TRP:CA	1:A:76:MET:O	0.52	2.57	2	1
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HD23	0.52	2.24	27	1
1:A:101:LEU:HD23	1:A:109:VAL:CG1	0.52	2.34	30	2
1:A:24:HIS:O	1:A:25:TRP:C	0.52	2.52	2	2
1:A:127:VAL:HG22	1:A:127:VAL:O	0.52	2.04	32	3
1:A:31:GLY:O	1:A:75:VAL:HG11	0.52	2.04	14	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:74:PHE:HA	0.52	1.82	14	1
1:A:26:ARG:HG2	1:A:76:MET:HE2	0.52	1.81	21	1
1:A:23:ILE:HD13	1:A:61:PHE:HE2	0.52	1.63	31	1
1:A:143:LEU:C	1:A:143:LEU:HD12	0.52	2.29	33	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:40:LEU:O	0.52	2.04	11	1
1:A:75:VAL:HA	1:A:76:MET:HE3	0.52	1.81	17	1
1:A:113:ILE:HG21	1:A:139:ALA:HB1	0.52	1.80	30	3
1:A:70:LEU:O	1:A:73:ASN:CG	0.52	2.52	1	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:CE	0.52	2.58	35	6
1:A:64:SER:CB	1:A:67:ILE:HB	0.52	2.35	20	3
1:A:46:ILE:HG23	1:A:79:LEU:HB3	0.52	1.82	16	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:74:PHE:C	0.52	2.83	20	2
1:A:96:TYR:CE2	1:A:122:TYR:CD1	0.52	2.98	20	2
1:A:100:ILE:O	1:A:124:TYR:CG	0.52	2.62	33	1
1:A:49:SER:OG	1:A:97:ILE:HD11	0.52	2.05	36	1
1:A:28:LEU:CD1	1:A:77:VAL:HG13	0.52	2.34	8	1
1:A:96:TYR:CG	1:A:99:ARG:HG3	0.52	2.40	32	1
1:A:42:LEU:HD21	1:A:107:GLY:N	0.52	2.20	19	1
1:A:25:TRP:CA	1:A:76:MET:N	0.52	2.72	2	1
1:A:100:ILE:HD12	1:A:126:TYR:CD1	0.52	2.40	24	1
1:A:129:ALA:HA	1:A:132:VAL:HG22	0.52	1.82	1	7
1:A:24:HIS:CG	1:A:45:ILE:CD1	0.52	2.93	16	4
1:A:42:LEU:HD11	1:A:107:GLY:N	0.52	2.19	20	1
1:A:129:ALA:HA	1:A:132:VAL:HG13	0.52	1.81	17	3
1:A:92:PRO:HG3	1:A:96:TYR:CE2	0.52	2.40	11	2
1:A:60:LYS:HG3	1:A:61:PHE:N	0.52	2.20	32	3
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:CD2	0.52	2.39	25	2
1:A:96:TYR:CE2	1:A:99:ARG:CZ	0.51	2.93	38	2
1:A:114:ILE:CG2	1:A:124:TYR:CE1	0.51	2.93	12	4
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:HB	0.51	1.81	5	2
1:A:131:GLN:O	1:A:134:GLN:HG3	0.51	2.04	26	8
1:A:41:PRO:HB2	1:A:143:LEU:HD21	0.51	1.79	4	1
1:A:71:SER:C	1:A:73:ASN:N	0.51	2.68	9	14
1:A:61:PHE:CE1	1:A:64:SER:CB	0.51	2.94	34	2
1:A:53:ALA:HB1	1:A:126:TYR:CZ	0.51	2.40	25	1
1:A:103:LEU:HD12	1:A:103:LEU:H	0.51	1.65	25	1
1:A:74:PHE:CZ	1:A:102:PHE:CD1	0.51	2.97	30	1
1:A:96:TYR:CG	1:A:96:TYR:O	0.51	2.63	34	1
1:A:28:LEU:CD1	1:A:77:VAL:HG12	0.51	2.32	35	1
1:A:25:TRP:C	1:A:27:THR:N	0.51	2.67	2	1
1:A:139:ALA:O	1:A:143:LEU:HD23	0.51	2.05	25	3
1:A:45:ILE:HG22	1:A:78:ASN:ND2	0.51	2.19	23	1
1:A:70:LEU:HD23	1:A:140:GLN:OE1	0.51	2.05	34	1
1:A:96:TYR:OH	1:A:124:TYR:CG	0.51	2.63	8	6
1:A:25:TRP:O	1:A:27:THR:N	0.51	2.43	2	1
1:A:22:HIS:CB	1:A:26:ARG:HG2	0.51	2.35	9	1
1:A:127:VAL:O	1:A:127:VAL:HG23	0.51	2.05	9	1
1:A:79:LEU:HD12	1:A:79:LEU:C	0.51	2.29	23	2
1:A:24:HIS:O	1:A:75:VAL:HA	0.51	2.06	34	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:42:LEU:O	1:A:103:LEU:CD2	0.51	2.58	12	12
1:A:102:PHE:HD2	1:A:113:ILE:HG22	0.51	1.64	4	1
1:A:23:ILE:HB	1:A:25:TRP:CZ2	0.51	2.41	30	5
1:A:27:THR:O	1:A:76:MET:HG3	0.51	2.05	10	1
1:A:103:LEU:HD22	1:A:109:VAL:CG2	0.51	2.35	23	1
1:A:64:SER:O	1:A:68:SER:N	0.51	2.44	38	25
1:A:102:PHE:CG	1:A:113:ILE:CG2	0.51	2.94	23	4
1:A:97:ILE:HB	1:A:98:PRO:CD	0.51	2.34	36	4
1:A:27:THR:O	1:A:76:MET:SD	0.51	2.68	21	1
1:A:46:ILE:HG21	1:A:90:PHE:CE1	0.51	2.41	39	1
1:A:130:GLU:O	1:A:133:VAL:CG1	0.51	2.58	7	21
1:A:63:GLU:O	1:A:65:THR:N	0.51	2.44	4	21
1:A:44:VAL:CB	1:A:103:LEU:HD21	0.51	2.35	21	1
1:A:76:MET:SD	1:A:136:MET:HE2	0.51	2.45	34	1
1:A:25:TRP:CB	1:A:76:MET:C	0.51	2.84	2	1
1:A:122:TYR:O	1:A:124:TYR:N	0.51	2.44	11	18
1:A:70:LEU:HD23	1:A:73:ASN:ND2	0.51	2.21	23	3
1:A:100:ILE:C	1:A:101:LEU:CD1	0.51	2.84	18	6
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:HD2	0.51	2.41	11	2
1:A:45:ILE:HD12	1:A:100:ILE:HG12	0.51	1.83	14	1
1:A:100:ILE:N	1:A:100:ILE:HD12	0.51	2.21	32	2
1:A:63:GLU:C	1:A:65:THR:N	0.50	2.69	29	39
1:A:131:GLN:HA	1:A:134:GLN:HG2	0.50	1.83	38	32
1:A:97:ILE:O	1:A:97:ILE:HD13	0.50	2.06	25	5
1:A:57:LEU:HB3	1:A:61:PHE:CB	0.50	2.36	13	2
1:A:96:TYR:CE1	1:A:124:TYR:CD2	0.50	3.00	15	1
1:A:58:LYS:CG	1:A:59:PRO:HD3	0.50	2.35	19	2
1:A:25:TRP:N	1:A:76:MET:HB2	0.50	2.22	8	1
1:A:67:ILE:HG23	1:A:71:SER:HB3	0.50	1.81	9	1
1:A:43:MET:CE	1:A:102:PHE:CD2	0.50	2.94	12	2
1:A:103:LEU:HB2	1:A:108:LYS:O	0.50	2.06	15	2
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:HG3	0.50	1.82	26	2
1:A:103:LEU:H	1:A:103:LEU:HD23	0.50	1.65	4	1
1:A:92:PRO:CB	1:A:124:TYR:CD1	0.50	2.95	18	2
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:HB2	0.50	2.41	17	7
1:A:45:ILE:CG2	1:A:47:HIS:CE1	0.50	2.94	21	6
1:A:43:MET:HG3	1:A:44:VAL:N	0.50	2.20	16	2
1:A:139:ALA:O	1:A:143:LEU:HD22	0.50	2.07	30	1
1:A:25:TRP:HB3	1:A:76:MET:CA	0.50	2.37	2	1
1:A:97:ILE:CD1	1:A:97:ILE:H	0.50	2.20	25	2
1:A:79:LEU:HD11	1:A:84:GLU:CA	0.50	2.35	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:74:PHE:CD1	1:A:74:PHE:N	0.50	2.80	15	4
1:A:46:ILE:CG2	1:A:98:PRO:CB	0.50	2.90	36	21
1:A:67:ILE:HD11	1:A:133:VAL:HB	0.50	1.83	7	1
1:A:122:TYR:CD1	1:A:123:LYS:N	0.50	2.79	10	1
1:A:24:HIS:CD2	1:A:43:MET:HG2	0.50	2.41	10	3
1:A:42:LEU:HD13	1:A:75:VAL:CG1	0.50	2.37	22	1
1:A:45:ILE:CB	1:A:100:ILE:HD12	0.50	2.36	36	1
1:A:24:HIS:CE1	1:A:136:MET:HE2	0.50	2.41	39	1
1:A:98:PRO:C	1:A:99:ARG:HG2	0.50	2.30	32	1
1:A:96:TYR:CD1	1:A:96:TYR:N	0.50	2.80	9	9
1:A:126:TYR:CG	1:A:132:VAL:HG12	0.50	2.42	14	3
1:A:130:GLU:C	1:A:133:VAL:HG12	0.50	2.32	19	11
1:A:53:ALA:HB3	1:A:99:ARG:HH22	0.50	1.67	24	1
1:A:96:TYR:CE1	1:A:99:ARG:HG2	0.49	2.42	36	2
1:A:24:HIS:CA	1:A:76:MET:HB2	0.49	2.37	23	4
1:A:92:PRO:HG3	1:A:124:TYR:CG	0.49	2.41	26	1
1:A:79:LEU:C	1:A:79:LEU:HD12	0.49	2.31	34	1
1:A:25:TRP:HE3	1:A:78:ASN:CB	0.49	2.20	17	5
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:HD2	0.49	2.06	5	3
1:A:61:PHE:HA	1:A:129:ALA:HB2	0.49	1.83	34	2
1:A:60:LYS:CG	1:A:61:PHE:N	0.49	2.76	30	19
1:A:103:LEU:HD23	1:A:109:VAL:N	0.49	2.22	24	1
1:A:71:SER:HA	1:A:74:PHE:CE1	0.49	2.43	26	1
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:CE	0.49	2.37	22	2
1:A:122:TYR:CD1	1:A:125:PHE:CB	0.49	2.95	7	4
1:A:25:TRP:CE3	1:A:78:ASN:HB2	0.49	2.43	36	5
1:A:127:VAL:HG23	1:A:131:GLN:OE1	0.49	2.08	18	1
1:A:101:LEU:CG	1:A:109:VAL:HG21	0.49	2.38	40	1
1:A:49:SER:O	1:A:51:CYS:N	0.49	2.46	21	8
1:A:94:GLY:HA3	1:A:99:ARG:CZ	0.49	2.37	3	2
1:A:70:LEU:O	1:A:136:MET:HE2	0.49	2.08	6	1
1:A:115:ASN:ND2	1:A:126:TYR:CD1	0.49	2.81	22	5
1:A:70:LEU:C	1:A:70:LEU:CD2	0.49	2.86	9	3
1:A:125:PHE:HE1	1:A:127:VAL:HG13	0.49	1.68	10	1
1:A:23:ILE:HG21	1:A:24:HIS:CE1	0.49	2.42	19	2
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:HG2	0.49	1.84	14	1
1:A:139:ALA:HB1	1:A:143:LEU:HB2	0.49	1.84	18	2
1:A:24:HIS:CD2	1:A:25:TRP:CH2	0.49	3.00	1	1
1:A:43:MET:O	1:A:76:MET:CB	0.49	2.61	15	3
1:A:26:ARG:C	1:A:26:ARG:HD3	0.49	2.32	6	1
1:A:96:TYR:CD1	1:A:122:TYR:CE1	0.49	3.00	33	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:75:VAL:HG22	1:A:76:MET:N	0.49	2.22	10	3
1:A:47:HIS:CD2	1:A:78:ASN:ND2	0.49	2.80	40	5
1:A:110:HIS:N	1:A:111:PRO:HD3	0.49	2.23	36	1
1:A:90:PHE:CD1	1:A:91:SER:N	0.49	2.81	22	8
1:A:131:GLN:O	1:A:134:GLN:CG	0.49	2.60	26	11
1:A:25:TRP:CE3	1:A:78:ASN:OD1	0.49	2.66	3	2
1:A:23:ILE:CG2	1:A:24:HIS:N	0.49	2.75	21	12
1:A:42:LEU:HD12	1:A:103:LEU:HD21	0.49	1.84	12	1
1:A:23:ILE:HG23	1:A:71:SER:HG	0.49	1.66	28	1
1:A:53:ALA:HB2	1:A:125:PHE:CD2	0.49	2.42	9	2
1:A:24:HIS:O	1:A:75:VAL:CA	0.49	2.61	34	1
1:A:57:LEU:HD22	1:A:60:LYS:CD	0.49	2.37	37	1
1:A:101:LEU:HB3	1:A:124:TYR:CE1	0.49	2.43	7	3
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:SD	0.49	2.48	28	4
1:A:127:VAL:O	1:A:127:VAL:CG1	0.49	2.53	13	3
1:A:101:LEU:HB3	1:A:124:TYR:CE2	0.49	2.43	22	2
1:A:92:PRO:HD2	1:A:124:TYR:CE2	0.49	2.43	28	2
1:A:57:LEU:CD1	1:A:61:PHE:CD1	0.49	2.96	4	4
1:A:41:PRO:HG2	1:A:74:PHE:CE2	0.49	2.43	13	3
1:A:100:ILE:CD1	1:A:126:TYR:CD2	0.49	2.96	6	1
1:A:25:TRP:N	1:A:76:MET:HB3	0.49	2.22	14	2
1:A:40:LEU:HD12	1:A:40:LEU:O	0.49	2.08	24	1
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:HD3	0.48	2.43	18	10
1:A:102:PHE:HB2	1:A:113:ILE:HB	0.48	1.85	39	12
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:CB	0.48	2.37	38	3
1:A:23:ILE:HD13	1:A:61:PHE:HE1	0.48	1.68	13	4
1:A:92:PRO:HB3	1:A:96:TYR:CZ	0.48	2.42	23	2
1:A:23:ILE:HG23	1:A:24:HIS:N	0.48	2.23	34	2
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:HG23	0.48	1.85	34	1
1:A:60:LYS:O	1:A:63:GLU:CB	0.48	2.62	25	20
1:A:134:GLN:HA	1:A:137:LYS:CD	0.48	2.38	39	14
1:A:110:HIS:O	1:A:112:GLU:N	0.48	2.42	7	6
1:A:67:ILE:CG2	1:A:71:SER:HB2	0.48	2.35	33	2
1:A:105:PRO:O	1:A:106:SER:CB	0.48	2.61	9	30
1:A:40:LEU:HD11	1:A:75:VAL:HB	0.48	1.84	5	4
1:A:68:SER:O	1:A:72:HIS:CG	0.48	2.65	29	1
1:A:101:LEU:HG	1:A:109:VAL:HG21	0.48	1.85	40	1
1:A:66:GLU:O	1:A:70:LEU:HD13	0.48	2.09	2	4
1:A:45:ILE:O	1:A:45:ILE:HG13	0.48	2.08	8	1
1:A:122:TYR:CD1	1:A:125:PHE:HB2	0.48	2.43	4	4
1:A:43:MET:HE2	1:A:102:PHE:CZ	0.48	2.43	23	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:101:LEU:HB2	1:A:109:VAL:CG2	0.48	2.39	24	1
1:A:115:ASN:OD1	1:A:116:GLU:N	0.48	2.47	13	1
1:A:139:ALA:O	1:A:143:LEU:HB3	0.48	2.09	29	1
1:A:96:TYR:CZ	1:A:99:ARG:CZ	0.48	2.96	36	1
1:A:87:ASP:O	1:A:90:PHE:CE2	0.48	2.67	35	21
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:CD2	0.48	2.62	30	11
1:A:92:PRO:CD	1:A:101:LEU:HD21	0.48	2.38	6	3
1:A:53:ALA:HB2	1:A:125:PHE:CZ	0.48	2.44	9	1
1:A:46:ILE:HD13	1:A:90:PHE:HB3	0.48	1.84	33	2
1:A:43:MET:HB3	1:A:76:MET:SD	0.48	2.48	23	2
1:A:100:ILE:CD1	1:A:126:TYR:CD1	0.48	2.92	23	1
1:A:103:LEU:HD13	1:A:108:LYS:C	0.48	2.33	27	1
1:A:126:TYR:CE2	1:A:132:VAL:HA	0.48	2.43	2	4
1:A:22:HIS:O	1:A:23:ILE:C	0.48	2.56	7	6
1:A:57:LEU:C	1:A:57:LEU:CD2	0.48	2.77	10	1
1:A:103:LEU:CB	1:A:108:LYS:C	0.48	2.87	18	7
1:A:103:LEU:HD12	1:A:109:VAL:N	0.48	2.24	15	1
1:A:76:MET:SD	1:A:76:MET:N	0.48	2.87	19	2
1:A:143:LEU:CD2	1:A:143:LEU:N	0.48	2.77	35	1
1:A:45:ILE:O	1:A:45:ILE:HG23	0.48	2.08	1	1
1:A:54:CYS:HA	1:A:57:LEU:CD2	0.48	2.39	2	4
1:A:79:LEU:HG	1:A:80:GLU:N	0.48	2.24	15	1
1:A:54:CYS:O	1:A:57:LEU:CD2	0.48	2.62	19	1
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:CE1	0.48	2.66	25	2
1:A:99:ARG:NH1	1:A:122:TYR:O	0.48	2.47	3	1
1:A:57:LEU:HD23	1:A:58:LYS:CA	0.48	2.39	10	1
1:A:102:PHE:CD2	1:A:113:ILE:CG2	0.48	2.97	10	2
1:A:100:ILE:HG22	1:A:101:LEU:N	0.48	2.24	19	2
1:A:125:PHE:CZ	1:A:127:VAL:CG1	0.47	2.97	11	4
1:A:103:LEU:CD2	1:A:103:LEU:N	0.47	2.77	34	7
1:A:49:SER:OG	1:A:97:ILE:HD12	0.47	2.09	8	2
1:A:100:ILE:CG2	1:A:126:TYR:CE1	0.47	2.96	11	2
1:A:53:ALA:HA	1:A:127:VAL:HG23	0.47	1.86	14	1
1:A:43:MET:CE	1:A:102:PHE:CE2	0.47	2.96	24	3
1:A:75:VAL:O	1:A:75:VAL:HG13	0.47	2.09	37	2
1:A:141:GLU:O	1:A:144:THR:HG23	0.47	2.08	21	1
1:A:126:TYR:CD1	1:A:126:TYR:N	0.47	2.81	36	1
1:A:102:PHE:CD1	1:A:113:ILE:CG2	0.47	2.97	36	3
1:A:126:TYR:CD1	1:A:131:GLN:OE1	0.47	2.67	35	2
1:A:136:MET:O	1:A:140:GLN:HG2	0.47	2.10	8	1
1:A:54:CYS:HA	1:A:57:LEU:HB2	0.47	1.84	15	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:103:LEU:CD2	1:A:109:VAL:HA	0.47	2.38	23	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:77:VAL:CG1	0.47	2.35	29	1
1:A:41:PRO:O	1:A:74:PHE:HB2	0.47	2.09	34	4
1:A:87:ASP:O	1:A:90:PHE:CD2	0.47	2.67	16	12
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:HE3	0.47	2.40	8	1
1:A:44:VAL:HG22	1:A:44:VAL:O	0.47	2.09	20	1
1:A:92:PRO:CD	1:A:124:TYR:CE2	0.47	2.97	22	1
1:A:92:PRO:CG	1:A:124:TYR:CE2	0.47	2.97	22	1
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:HB2	0.47	2.39	27	1
1:A:133:VAL:HA	1:A:136:MET:HG2	0.47	1.87	28	3
1:A:42:LEU:CD1	1:A:103:LEU:HD21	0.47	2.39	12	1
1:A:64:SER:OG	1:A:67:ILE:HB	0.47	2.09	33	1
1:A:45:ILE:HG12	1:A:47:HIS:NE2	0.47	2.24	7	1
1:A:45:ILE:HA	1:A:100:ILE:HA	0.47	1.87	35	3
1:A:111:PRO:HA	1:A:124:TYR:OH	0.47	2.10	7	3
1:A:41:PRO:HB3	1:A:143:LEU:HD12	0.47	1.87	37	2
1:A:42:LEU:HD12	1:A:103:LEU:CD1	0.47	2.39	20	2
1:A:87:ASP:N	1:A:90:PHE:CE2	0.47	2.83	29	3
1:A:115:ASN:CB	1:A:126:TYR:CE1	0.47	2.98	23	1
1:A:79:LEU:HD12	1:A:80:GLU:O	0.47	2.08	25	1
1:A:25:TRP:C	1:A:76:MET:HB2	0.47	2.35	26	1
1:A:125:PHE:CE2	1:A:127:VAL:CG1	0.47	2.96	29	3
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:HB	0.47	2.09	5	8
1:A:23:ILE:O	1:A:76:MET:CA	0.47	2.62	38	3
1:A:48:LYS:HB3	1:A:97:ILE:O	0.47	2.09	11	4
1:A:101:LEU:O	1:A:101:LEU:CD2	0.47	2.63	11	1
1:A:26:ARG:H	1:A:76:MET:HB3	0.47	1.69	14	2
1:A:70:LEU:CB	1:A:136:MET:HE1	0.47	2.40	14	1
1:A:101:LEU:N	1:A:101:LEU:HD13	0.47	2.25	18	2
1:A:101:LEU:HB3	1:A:109:VAL:HG23	0.47	1.86	35	2
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:CB	0.47	2.39	34	1
1:A:44:VAL:HG13	1:A:45:ILE:N	0.47	2.23	36	1
1:A:140:GLN:HE21	1:A:144:THR:HG21	0.47	1.69	38	1
1:A:134:GLN:HG3	1:A:135:GLY:N	0.47	2.25	23	4
1:A:77:VAL:O	1:A:77:VAL:CG1	0.47	2.61	38	4
1:A:126:TYR:HD2	1:A:132:VAL:HG12	0.47	1.70	7	3
1:A:41:PRO:CD	1:A:144:THR:HG22	0.47	2.40	8	1
1:A:46:ILE:CD1	1:A:79:LEU:HD12	0.47	2.40	9	2
1:A:40:LEU:HG	1:A:74:PHE:CA	0.47	2.38	11	1
1:A:110:HIS:NE2	1:A:143:LEU:HD13	0.47	2.25	13	1
1:A:113:ILE:HD11	1:A:143:LEU:CG	0.47	2.40	25	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:VAL:O	1:A:100:ILE:HG23	0.47	2.09	27	1
1:A:44:VAL:HG23	1:A:103:LEU:HD13	0.47	1.86	2	1
1:A:64:SER:HB3	1:A:67:ILE:HB	0.47	1.87	6	11
1:A:78:ASN:ND2	1:A:78:ASN:C	0.47	2.72	9	5
1:A:24:HIS:O	1:A:25:TRP:CE3	0.47	2.68	16	8
1:A:101:LEU:HD13	1:A:109:VAL:HG11	0.47	1.87	13	1
1:A:46:ILE:HG12	1:A:79:LEU:HD23	0.47	1.86	15	2
1:A:26:ARG:HB3	1:A:75:VAL:HG23	0.47	1.87	16	1
1:A:96:TYR:OH	1:A:124:TYR:CD2	0.47	2.68	9	4
1:A:102:PHE:CB	1:A:113:ILE:CG2	0.47	2.93	20	3
1:A:100:ILE:CG1	1:A:126:TYR:CD1	0.47	2.98	10	2
1:A:57:LEU:HD21	1:A:126:TYR:HE1	0.47	1.70	13	1
1:A:103:LEU:CB	1:A:109:VAL:CA	0.47	2.91	36	1
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:HE3	0.47	1.87	38	1
1:A:22:HIS:O	1:A:26:ARG:N	0.46	2.47	7	3
1:A:24:HIS:CD2	1:A:43:MET:HG3	0.46	2.45	7	1
1:A:43:MET:HE1	1:A:102:PHE:CZ	0.46	2.45	14	2
1:A:113:ILE:CD1	1:A:143:LEU:HD22	0.46	2.40	13	1
1:A:75:VAL:CA	1:A:76:MET:HE3	0.46	2.40	17	1
1:A:42:LEU:HB2	1:A:103:LEU:HD12	0.46	1.87	38	1
1:A:115:ASN:HB2	1:A:126:TYR:CE1	0.46	2.46	7	4
1:A:114:ILE:HG12	1:A:115:ASN:H	0.46	1.69	30	5
1:A:40:LEU:HD13	1:A:74:PHE:CB	0.46	2.39	12	1
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:HE2	0.46	2.10	38	2
1:A:46:ILE:CG1	1:A:79:LEU:HB3	0.46	2.40	16	1
1:A:57:LEU:HD11	1:A:126:TYR:OH	0.46	2.10	17	1
1:A:127:VAL:O	1:A:127:VAL:HG22	0.46	2.10	28	2
1:A:48:LYS:CB	1:A:97:ILE:O	0.46	2.62	15	6
1:A:97:ILE:O	1:A:97:ILE:CD1	0.46	2.64	25	3
1:A:45:ILE:CG1	1:A:47:HIS:NE2	0.46	2.77	14	1
1:A:89:ASP:HA	1:A:109:VAL:HG11	0.46	1.87	14	1
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:OG1	0.46	2.31	29	2
1:A:100:ILE:HG12	1:A:126:TYR:CD1	0.46	2.45	4	2
1:A:46:ILE:C	1:A:47:HIS:CD2	0.46	2.94	34	4
1:A:43:MET:CE	1:A:102:PHE:CZ	0.46	2.99	14	2
1:A:22:HIS:CG	1:A:22:HIS:O	0.46	2.69	14	2
1:A:28:LEU:HA	1:A:77:VAL:HG21	0.46	1.85	16	2
1:A:25:TRP:CZ2	1:A:61:PHE:CE1	0.46	3.04	26	3
1:A:40:LEU:CD1	1:A:73:ASN:O	0.46	2.64	29	1
1:A:22:HIS:HB3	1:A:26:ARG:HB2	0.46	1.88	35	1
1:A:110:HIS:N	1:A:111:PRO:CD	0.46	2.78	36	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:114:ILE:HD13	1:A:114:ILE:N	0.46	2.25	20	6
1:A:54:CYS:O	1:A:58:LYS:HG2	0.46	2.11	25	3
1:A:23:ILE:CG2	1:A:24:HIS:H	0.46	2.24	30	2
1:A:57:LEU:HD11	1:A:126:TYR:HE2	0.46	1.70	11	1
1:A:100:ILE:CD1	1:A:126:TYR:CE1	0.46	2.99	18	1
1:A:82:GLU:O	1:A:84:GLU:N	0.46	2.48	21	2
1:A:61:PHE:O	1:A:64:SER:HB2	0.46	2.10	29	2
1:A:124:TYR:O	1:A:126:TYR:CE1	0.46	2.68	36	1
1:A:50:TRP:CD1	1:A:50:TRP:O	0.46	2.68	4	2
1:A:61:PHE:O	1:A:64:SER:CB	0.46	2.64	9	8
1:A:102:PHE:CD1	1:A:102:PHE:N	0.46	2.84	13	3
1:A:27:THR:O	1:A:76:MET:O	0.46	2.33	21	1
1:A:74:PHE:CE2	1:A:102:PHE:CE2	0.46	3.04	29	1
1:A:70:LEU:HD22	1:A:136:MET:CE	0.46	2.40	35	1
1:A:102:PHE:N	1:A:102:PHE:CD1	0.46	2.83	5	4
1:A:75:VAL:O	1:A:77:VAL:CG2	0.46	2.63	35	3
1:A:26:ARG:O	1:A:26:ARG:NE	0.46	2.49	10	2
1:A:48:LYS:HB2	1:A:98:PRO:HG2	0.46	1.87	18	3
1:A:42:LEU:CD1	1:A:77:VAL:HG11	0.46	2.38	21	1
1:A:24:HIS:CG	1:A:43:MET:CG	0.46	2.99	35	2
1:A:74:PHE:CE1	1:A:102:PHE:CE2	0.46	3.03	28	1
1:A:115:ASN:CG	1:A:126:TYR:CE1	0.46	2.94	28	10
1:A:25:TRP:CD1	1:A:26:ARG:N	0.46	2.84	2	1
1:A:42:LEU:CB	1:A:103:LEU:CD2	0.46	2.93	4	1
1:A:48:LYS:HG2	1:A:83:GLU:HA	0.46	1.88	8	1
1:A:91:SER:CB	1:A:96:TYR:CE1	0.46	2.98	26	1
1:A:57:LEU:HG	1:A:61:PHE:CB	0.46	2.41	29	1
1:A:95:GLY:N	1:A:99:ARG:NH1	0.46	2.64	38	1
1:A:126:TYR:CZ	1:A:132:VAL:HG12	0.46	2.46	1	1
1:A:28:LEU:HD23	1:A:28:LEU:C	0.46	2.36	33	2
1:A:115:ASN:ND2	1:A:126:TYR:CE1	0.46	2.84	28	2
1:A:71:SER:O	1:A:73:ASN:N	0.46	2.49	9	2
1:A:73:ASN:HB3	1:A:140:GLN:HB2	0.46	1.88	26	2
1:A:40:LEU:CD2	1:A:73:ASN:O	0.46	2.64	29	2
1:A:43:MET:HE1	1:A:136:MET:HG3	0.46	1.87	1	1
1:A:71:SER:C	1:A:73:ASN:H	0.46	2.18	9	2
1:A:40:LEU:HD11	1:A:75:VAL:CG1	0.46	2.34	15	1
1:A:101:LEU:HB3	1:A:124:TYR:CZ	0.46	2.46	22	2
1:A:57:LEU:HD12	1:A:61:PHE:CD1	0.46	2.47	32	1
1:A:25:TRP:HZ3	1:A:45:ILE:HD13	0.46	1.72	36	1
1:A:44:VAL:CG2	1:A:109:VAL:CG1	0.46	2.93	36	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:102:PHE:CB	1:A:113:ILE:HB	0.45	2.41	1	6
1:A:123:LYS:O	1:A:125:PHE:N	0.45	2.49	36	8
1:A:126:TYR:O	1:A:126:TYR:CD1	0.45	2.69	9	2
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:CB	0.45	2.64	19	3
1:A:102:PHE:CE2	1:A:139:ALA:CB	0.45	3.00	12	1
1:A:43:MET:HE2	1:A:74:PHE:CE1	0.45	2.46	17	1
1:A:89:ASP:OD2	1:A:109:VAL:HB	0.45	2.11	17	2
1:A:42:LEU:HD11	1:A:107:GLY:HA2	0.45	1.89	19	1
1:A:67:ILE:O	1:A:71:SER:CB	0.45	2.65	33	2
1:A:50:TRP:HZ2	1:A:97:ILE:HD11	0.45	1.71	26	1
1:A:96:TYR:C	1:A:96:TYR:HD1	0.45	2.18	26	1
1:A:115:ASN:CG	1:A:126:TYR:CE2	0.45	2.95	29	2
1:A:92:PRO:HG2	1:A:124:TYR:CE2	0.45	2.46	37	1
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:CG	0.45	2.64	28	6
1:A:110:HIS:C	1:A:112:GLU:H	0.45	2.19	7	22
1:A:96:TYR:CE2	1:A:99:ARG:CB	0.45	2.99	37	5
1:A:104:ASP:O	1:A:106:SER:N	0.45	2.49	38	2
1:A:79:LEU:CD2	1:A:90:PHE:CE1	0.45	2.99	19	1
1:A:22:HIS:C	1:A:23:ILE:HG22	0.45	2.36	29	1
1:A:43:MET:SD	1:A:45:ILE:HD11	0.45	2.51	33	1
1:A:139:ALA:O	1:A:143:LEU:HB2	0.45	2.11	18	3
1:A:24:HIS:CD2	1:A:136:MET:HE3	0.45	2.46	4	1
1:A:61:PHE:CD1	1:A:64:SER:OG	0.45	2.69	24	6
1:A:23:ILE:HG23	1:A:71:SER:CB	0.45	2.42	17	1
1:A:42:LEU:HD13	1:A:77:VAL:HG21	0.45	1.88	21	1
1:A:60:LYS:CE	1:A:128:SER:HA	0.45	2.41	36	2
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:HB2	0.45	1.88	34	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:CD1	0.45	2.99	35	1
1:A:45:ILE:CG2	1:A:78:ASN:HB2	0.45	2.36	24	4
1:A:96:TYR:CG	1:A:99:ARG:HD3	0.45	2.47	1	1
1:A:23:ILE:HB	1:A:25:TRP:CE2	0.45	2.47	2	1
1:A:126:TYR:O	1:A:127:VAL:CG1	0.45	2.62	37	9
1:A:75:VAL:CG2	1:A:76:MET:CE	0.45	2.95	27	2
1:A:24:HIS:O	1:A:78:ASN:CB	0.45	2.64	24	1
1:A:57:LEU:N	1:A:57:LEU:CD2	0.45	2.79	32	4
1:A:40:LEU:C	1:A:40:LEU:CD1	0.45	2.90	4	3
1:A:53:ALA:CB	1:A:125:PHE:CE2	0.45	2.99	9	1
1:A:26:ARG:CG	1:A:76:MET:SD	0.45	3.05	33	2
1:A:57:LEU:HG	1:A:61:PHE:CD2	0.45	2.47	15	2
1:A:101:LEU:HD23	1:A:109:VAL:HG13	0.45	1.87	37	1
1:A:139:ALA:HA	1:A:142:ARG:HG3	0.45	1.89	29	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:99:ARG:NH2	1:A:125:PHE:CE2	0.45	2.85	16	1
1:A:89:ASP:OD2	1:A:109:VAL:CG2	0.45	2.65	21	1
1:A:46:ILE:CD1	1:A:90:PHE:CG	0.45	2.99	23	1
1:A:64:SER:CA	1:A:67:ILE:HG23	0.45	2.38	2	1
1:A:92:PRO:HD3	1:A:101:LEU:CD2	0.45	2.41	6	3
1:A:96:TYR:C	1:A:97:ILE:HG23	0.45	2.37	19	8
1:A:103:LEU:N	1:A:103:LEU:CD2	0.45	2.76	18	5
1:A:45:ILE:HG22	1:A:100:ILE:HG21	0.45	1.87	8	1
1:A:69:GLU:O	1:A:72:HIS:CD2	0.45	2.70	16	3
1:A:27:THR:N	1:A:76:MET:SD	0.45	2.89	21	1
1:A:103:LEU:CB	1:A:108:LYS:O	0.45	2.65	24	2
1:A:115:ASN:ND2	1:A:126:TYR:CD2	0.45	2.85	32	1
1:A:115:ASN:HB2	1:A:126:TYR:CD1	0.45	2.47	36	1
1:A:74:PHE:CE1	1:A:76:MET:HE1	0.45	2.46	1	1
1:A:92:PRO:HD2	1:A:124:TYR:CD2	0.45	2.46	7	1
1:A:46:ILE:HG22	1:A:48:LYS:HD3	0.45	1.88	8	1
1:A:99:ARG:CG	1:A:125:PHE:HA	0.45	2.42	8	1
1:A:45:ILE:HG21	1:A:126:TYR:OH	0.45	2.12	11	1
1:A:75:VAL:O	1:A:77:VAL:HG23	0.45	2.12	13	2
1:A:126:TYR:CG	1:A:132:VAL:HB	0.45	2.47	28	1
1:A:112:GLU:O	1:A:114:ILE:CG2	0.45	2.65	36	1
1:A:122:TYR:CD1	1:A:125:PHE:HB3	0.45	2.47	10	2
1:A:54:CYS:HA	1:A:57:LEU:HD13	0.45	1.88	10	1
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:SD	0.45	2.52	17	1
1:A:43:MET:CE	1:A:74:PHE:CE1	0.45	3.00	17	1
1:A:43:MET:HB2	1:A:74:PHE:HB2	0.45	1.89	20	1
1:A:50:TRP:O	1:A:51:CYS:O	0.45	2.35	20	3
1:A:70:LEU:HD13	1:A:70:LEU:C	0.45	2.36	29	1
1:A:110:HIS:H	1:A:111:PRO:CD	0.45	2.23	36	1
1:A:58:LYS:HG3	1:A:59:PRO:HD3	0.45	1.89	4	1
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:CD2	0.45	2.65	17	8
1:A:28:LEU:CG	1:A:77:VAL:HG13	0.45	2.42	8	2
1:A:96:TYR:O	1:A:97:ILE:CG2	0.45	2.64	12	5
1:A:43:MET:HE1	1:A:102:PHE:HE2	0.45	1.64	13	1
1:A:100:ILE:HG12	1:A:126:TYR:CE2	0.45	2.47	36	1
1:A:87:ASP:O	1:A:90:PHE:CZ	0.44	2.70	36	3
1:A:50:TRP:O	1:A:50:TRP:CD2	0.44	2.70	26	4
1:A:72:HIS:CD2	1:A:73:ASN:ND2	0.44	2.85	19	3
1:A:25:TRP:O	1:A:76:MET:O	0.44	2.35	34	1
1:A:73:ASN:HB2	1:A:140:GLN:HB2	0.44	1.89	1	1
1:A:92:PRO:HD3	1:A:96:TYR:CD1	0.44	2.47	23	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:CYS:CA	1:A:57:LEU:HB3	0.44	2.43	19	1
1:A:47:HIS:CG	1:A:47:HIS:O	0.44	2.69	26	2
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:HE2	0.44	2.42	33	1
1:A:43:MET:HA	1:A:43:MET:HE2	0.44	1.88	33	1
1:A:46:ILE:HD13	1:A:90:PHE:CD1	0.44	2.48	39	1
1:A:64:SER:HB3	1:A:67:ILE:HG12	0.44	1.89	2	1
1:A:73:ASN:ND2	1:A:140:GLN:NE2	0.44	2.66	3	2
1:A:82:GLU:O	1:A:83:GLU:CB	0.44	2.65	8	1
1:A:102:PHE:CZ	1:A:136:MET:HE1	0.44	2.47	12	1
1:A:60:LYS:NZ	1:A:60:LYS:HB3	0.44	2.28	36	2
1:A:101:LEU:CD2	1:A:124:TYR:CD2	0.44	2.98	22	1
1:A:46:ILE:HB	1:A:98:PRO:CB	0.44	2.41	40	2
1:A:115:ASN:N	1:A:126:TYR:CE1	0.44	2.85	36	1
1:A:43:MET:HE1	1:A:136:MET:CG	0.44	2.42	1	1
1:A:114:ILE:CG2	1:A:124:TYR:CZ	0.44	2.98	9	3
1:A:43:MET:O	1:A:76:MET:CA	0.44	2.66	11	1
1:A:25:TRP:HE3	1:A:78:ASN:HB3	0.44	1.71	17	1
1:A:85:PRO:HG3	1:A:90:PHE:CG	0.44	2.48	23	1
1:A:69:GLU:O	1:A:72:HIS:CG	0.44	2.70	39	1
1:A:115:ASN:CB	1:A:123:LYS:O	0.44	2.66	10	3
1:A:131:GLN:O	1:A:134:GLN:HG2	0.44	2.12	4	5
1:A:45:ILE:HD11	1:A:78:ASN:HB2	0.44	1.89	8	1
1:A:26:ARG:H	1:A:76:MET:CB	0.44	2.26	14	1
1:A:26:ARG:HB2	1:A:76:MET:HB3	0.44	1.89	25	2
1:A:42:LEU:HB2	1:A:103:LEU:HD11	0.44	1.88	37	1
1:A:43:MET:CB	1:A:76:MET:HB3	0.44	2.43	16	4
1:A:61:PHE:C	1:A:63:GLU:N	0.44	2.74	32	13
1:A:41:PRO:O	1:A:74:PHE:HA	0.44	2.13	3	2
1:A:126:TYR:CD2	1:A:131:GLN:OE1	0.44	2.70	7	1
1:A:43:MET:CE	1:A:74:PHE:CZ	0.44	3.01	17	1
1:A:43:MET:CG	1:A:44:VAL:N	0.44	2.81	19	1
1:A:73:ASN:CG	1:A:74:PHE:CE2	0.44	2.95	22	1
1:A:85:PRO:HB3	1:A:90:PHE:CE1	0.44	2.48	23	1
1:A:45:ILE:HG23	1:A:100:ILE:HD12	0.44	1.87	2	1
1:A:79:LEU:HD13	1:A:85:PRO:HG3	0.44	1.89	5	1
1:A:26:ARG:HG3	1:A:76:MET:HE2	0.44	1.89	9	1
1:A:24:HIS:CD2	1:A:45:ILE:CD1	0.44	3.01	30	2
1:A:44:VAL:HG12	1:A:45:ILE:N	0.44	2.27	16	1
1:A:89:ASP:CG	1:A:109:VAL:CG2	0.44	2.91	19	2
1:A:133:VAL:HG22	1:A:137:LYS:NZ	0.44	2.28	18	2
1:A:40:LEU:HD13	1:A:73:ASN:C	0.44	2.38	20	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:LEU:HB2	1:A:61:PHE:CB	0.44	2.43	20	1
1:A:22:HIS:N	1:A:23:ILE:HD12	0.44	2.28	25	2
1:A:23:ILE:HG23	1:A:25:TRP:CZ2	0.44	2.48	29	1
1:A:96:TYR:CD1	1:A:96:TYR:C	0.44	2.95	34	1
1:A:74:PHE:CE2	1:A:136:MET:CG	0.44	3.01	39	1
1:A:22:HIS:C	1:A:26:ARG:HG2	0.44	2.37	40	1
1:A:23:ILE:O	1:A:23:ILE:CG2	0.44	2.65	2	1
1:A:96:TYR:OH	1:A:124:TYR:CB	0.44	2.66	18	6
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:CD1	0.44	2.70	12	2
1:A:40:LEU:CD1	1:A:41:PRO:O	0.44	2.66	39	3
1:A:50:TRP:CD1	1:A:51:CYS:N	0.44	2.86	5	3
1:A:103:LEU:HB3	1:A:109:VAL:CG2	0.44	2.38	8	1
1:A:137:LYS:HA	1:A:140:GLN:HG2	0.44	1.89	8	1
1:A:50:TRP:O	1:A:50:TRP:CG	0.44	2.69	10	5
1:A:24:HIS:HD2	1:A:76:MET:HG3	0.44	1.73	15	1
1:A:74:PHE:CZ	1:A:143:LEU:HD12	0.44	2.48	21	1
1:A:125:PHE:C	1:A:125:PHE:CD1	0.44	2.96	24	1
1:A:49:SER:C	1:A:50:TRP:CD1	0.44	2.96	26	1
1:A:52:GLY:HA2	1:A:55:LYS:HG2	0.44	1.89	35	2
1:A:96:TYR:OH	1:A:122:TYR:O	0.44	2.35	28	1
1:A:60:LYS:HG3	1:A:129:ALA:CB	0.44	2.42	31	1
1:A:114:ILE:HG22	1:A:124:TYR:HE1	0.44	1.70	33	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:72:HIS:O	0.44	2.12	40	1
1:A:58:LYS:HB3	1:A:59:PRO:CD	0.43	2.43	39	2
1:A:41:PRO:CG	1:A:143:LEU:HD11	0.43	2.42	8	2
1:A:101:LEU:HD13	1:A:109:VAL:CG1	0.43	2.43	13	1
1:A:91:SER:N	1:A:92:PRO:HD3	0.43	2.28	17	1
1:A:96:TYR:OH	1:A:101:LEU:HD11	0.43	2.12	23	2
1:A:100:ILE:O	1:A:100:ILE:HG13	0.43	2.12	23	2
1:A:96:TYR:CD1	1:A:99:ARG:CD	0.43	3.01	20	1
1:A:26:ARG:CG	1:A:76:MET:HE2	0.43	2.43	21	1
1:A:114:ILE:HA	1:A:124:TYR:CE1	0.43	2.48	23	2
1:A:45:ILE:CD1	1:A:100:ILE:HG22	0.43	2.43	35	1
1:A:114:ILE:CG1	1:A:115:ASN:H	0.43	2.26	38	2
1:A:100:ILE:HG13	1:A:124:TYR:O	0.43	2.13	6	1
1:A:93:ASP:CG	1:A:124:TYR:CE1	0.43	2.96	10	1
1:A:45:ILE:HA	1:A:100:ILE:HG22	0.43	1.90	18	1
1:A:103:LEU:CD1	1:A:108:LYS:N	0.43	2.81	23	2
1:A:123:LYS:C	1:A:125:PHE:H	0.43	2.21	26	1
1:A:84:GLU:N	1:A:85:PRO:CD	0.43	2.81	29	1
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:CG	0.43	3.00	32	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:24:HIS:CB	1:A:76:MET:CG	0.43	2.96	34	1
1:A:136:MET:O	1:A:140:GLN:HB3	0.43	2.13	32	5
1:A:22:HIS:C	1:A:25:TRP:CD1	0.43	2.96	28	2
1:A:25:TRP:HZ3	1:A:45:ILE:HG21	0.43	1.73	7	1
1:A:96:TYR:CD2	1:A:99:ARG:HG2	0.43	2.47	25	3
1:A:75:VAL:HA	1:A:76:MET:HE2	0.43	1.89	19	1
1:A:50:TRP:CE3	1:A:50:TRP:O	0.43	2.71	40	3
1:A:92:PRO:CD	1:A:96:TYR:CE1	0.43	3.01	23	1
1:A:60:LYS:CD	1:A:128:SER:HA	0.43	2.43	25	1
1:A:133:VAL:O	1:A:137:LYS:CG	0.43	2.66	32	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:HG	0.43	2.49	35	1
1:A:60:LYS:CB	1:A:60:LYS:NZ	0.43	2.81	37	1
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:CE	0.43	2.44	8	2
1:A:115:ASN:ND2	1:A:126:TYR:HB3	0.43	2.28	9	1
1:A:122:TYR:CE1	1:A:125:PHE:O	0.43	2.71	10	1
1:A:24:HIS:HB3	1:A:76:MET:HB2	0.43	1.90	23	3
1:A:92:PRO:O	1:A:124:TYR:CE1	0.43	2.71	21	1
1:A:47:HIS:CE1	1:A:80:GLU:HG3	0.43	2.48	24	1
1:A:48:LYS:C	1:A:97:ILE:O	0.43	2.61	34	1
1:A:96:TYR:CE1	1:A:99:ARG:NH1	0.43	2.87	36	1
1:A:42:LEU:CB	1:A:103:LEU:CD1	0.43	2.93	37	1
1:A:70:LEU:C	1:A:70:LEU:HD13	0.43	2.39	39	1
1:A:115:ASN:ND2	1:A:131:GLN:OE1	0.43	2.51	11	2
1:A:44:VAL:CG1	1:A:101:LEU:HB2	0.43	2.43	18	1
1:A:53:ALA:HB3	1:A:99:ARG:NH2	0.43	2.27	24	1
1:A:23:ILE:CG2	1:A:25:TRP:CZ2	0.43	3.02	29	1
1:A:97:ILE:H	1:A:97:ILE:HD13	0.43	1.74	36	1
1:A:44:VAL:CG2	1:A:103:LEU:CD1	0.43	2.94	38	4
1:A:112:GLU:O	1:A:113:ILE:HD13	0.43	2.13	15	1
1:A:115:ASN:O	1:A:116:GLU:CB	0.43	2.67	18	1
1:A:64:SER:CA	1:A:67:ILE:HB	0.43	2.44	20	2
1:A:102:PHE:CZ	1:A:143:LEU:CD2	0.43	3.02	22	1
1:A:23:ILE:CG2	1:A:24:HIS:ND1	0.43	2.81	23	1
1:A:48:LYS:O	1:A:49:SER:O	0.43	2.37	29	1
1:A:44:VAL:CG1	1:A:101:LEU:HB3	0.43	2.44	30	1
1:A:103:LEU:HD13	1:A:107:GLY:HA2	0.43	1.90	38	1
1:A:89:ASP:OD2	1:A:101:LEU:CD2	0.43	2.67	40	1
1:A:100:ILE:HD11	1:A:126:TYR:HE1	0.43	1.66	4	1
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:CE2	0.43	2.72	8	2
1:A:74:PHE:CZ	1:A:136:MET:HE2	0.43	2.49	16	1
1:A:41:PRO:CG	1:A:74:PHE:CE2	0.43	3.02	37	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:ILE:O	1:A:25:TRP:CD1	0.43	2.72	34	2
1:A:91:SER:HA	1:A:96:TYR:CZ	0.43	2.48	5	1
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:CD1	0.43	2.80	14	1
1:A:40:LEU:HB2	1:A:74:PHE:HA	0.43	1.90	15	2
1:A:41:PRO:HB2	1:A:74:PHE:CE2	0.43	2.48	21	1
1:A:60:LYS:NZ	1:A:60:LYS:CB	0.43	2.82	24	2
1:A:103:LEU:HB2	1:A:109:VAL:CA	0.43	2.44	36	1
1:A:90:PHE:C	1:A:90:PHE:CD1	0.43	2.97	4	3
1:A:57:LEU:CD2	1:A:58:LYS:N	0.43	2.72	10	1
1:A:102:PHE:CZ	1:A:136:MET:CE	0.43	3.02	12	1
1:A:46:ILE:O	1:A:98:PRO:O	0.43	2.37	14	2
1:A:104:ASP:C	1:A:106:SER:H	0.43	2.21	27	1
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:CD2	0.43	2.71	33	1
1:A:104:ASP:O	1:A:107:GLY:N	0.43	2.52	37	1
1:A:43:MET:HB3	1:A:76:MET:HG3	0.43	1.91	2	1
1:A:103:LEU:HB3	1:A:108:LYS:C	0.43	2.39	38	4
1:A:22:HIS:CB	1:A:26:ARG:HD3	0.43	2.44	9	1
1:A:119:ASN:HB2	1:A:122:TYR:CZ	0.43	2.49	10	1
1:A:46:ILE:HG22	1:A:47:HIS:N	0.43	2.29	15	1
1:A:124:TYR:CD1	1:A:124:TYR:N	0.43	2.86	16	1
1:A:69:GLU:O	1:A:72:HIS:ND1	0.43	2.52	26	2
1:A:114:ILE:CG1	1:A:123:LYS:CD	0.43	2.96	27	1
1:A:114:ILE:CG1	1:A:123:LYS:HD2	0.43	2.44	27	1
1:A:92:PRO:CD	1:A:101:LEU:CD2	0.43	2.97	29	1
1:A:52:GLY:C	1:A:127:VAL:HG12	0.43	2.39	36	1
1:A:42:LEU:CB	1:A:103:LEU:HD12	0.43	2.44	38	1
1:A:69:GLU:HA	1:A:72:HIS:CD2	0.43	2.49	39	1
1:A:98:PRO:C	1:A:99:ARG:HD2	0.42	2.39	5	3
1:A:126:TYR:CZ	1:A:132:VAL:HA	0.42	2.49	6	1
1:A:41:PRO:HG3	1:A:143:LEU:HD11	0.42	1.91	8	1
1:A:93:ASP:OD1	1:A:94:GLY:N	0.42	2.52	32	2
1:A:27:THR:N	1:A:76:MET:HG3	0.42	2.28	10	1
1:A:93:ASP:CG	1:A:124:TYR:CD1	0.42	2.97	10	1
1:A:101:LEU:HB3	1:A:124:TYR:CD2	0.42	2.48	17	3
1:A:26:ARG:CB	1:A:76:MET:HB3	0.42	2.43	21	1
1:A:74:PHE:CE1	1:A:136:MET:HG3	0.42	2.48	23	1
1:A:100:ILE:HB	1:A:126:TYR:CD1	0.42	2.49	27	1
1:A:44:VAL:CG1	1:A:46:ILE:CD1	0.42	2.95	34	1
1:A:89:ASP:OD1	1:A:109:VAL:CG1	0.42	2.67	40	1
1:A:74:PHE:CE2	1:A:136:MET:HE3	0.42	2.45	6	1
1:A:48:LYS:HG3	1:A:83:GLU:CG	0.42	2.44	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:53:ALA:CA	1:A:127:VAL:HG12	0.42	2.41	9	1
1:A:143:LEU:HD22	1:A:143:LEU:N	0.42	2.29	10	2
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:HD23	0.42	2.49	12	1
1:A:22:HIS:O	1:A:23:ILE:CB	0.42	2.67	29	1
1:A:66:GLU:O	1:A:69:GLU:CG	0.42	2.67	34	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:143:LEU:CG	0.42	3.02	35	1
1:A:44:VAL:HG21	1:A:109:VAL:CG1	0.42	2.32	36	1
1:A:53:ALA:CB	1:A:126:TYR:O	0.42	2.68	33	4
1:A:46:ILE:HG23	1:A:79:LEU:CD1	0.42	2.43	2	1
1:A:28:LEU:HA	1:A:77:VAL:HG22	0.42	1.90	14	2
1:A:43:MET:SD	1:A:100:ILE:HD12	0.42	2.54	12	1
1:A:100:ILE:HD12	1:A:100:ILE:H	0.42	1.75	14	1
1:A:43:MET:O	1:A:77:VAL:N	0.42	2.52	17	1
1:A:72:HIS:CD2	1:A:72:HIS:C	0.42	2.97	19	3
1:A:72:HIS:O	1:A:74:PHE:O	0.42	2.37	20	1
1:A:23:ILE:HG21	1:A:61:PHE:CE2	0.42	2.49	22	1
1:A:43:MET:HG2	1:A:74:PHE:CE1	0.42	2.49	33	1
1:A:43:MET:CE	1:A:100:ILE:HG22	0.42	2.42	37	1
1:A:102:PHE:HB3	1:A:113:ILE:CB	0.42	2.43	3	1
1:A:102:PHE:CG	1:A:113:ILE:HG21	0.42	2.49	40	3
1:A:121:SER:O	1:A:122:TYR:CD2	0.42	2.73	3	3
1:A:122:TYR:O	1:A:123:LYS:C	0.42	2.62	3	1
1:A:97:ILE:HA	1:A:98:PRO:HD3	0.42	1.52	34	13
1:A:41:PRO:HD2	1:A:144:THR:HG22	0.42	1.92	7	2
1:A:136:MET:CG	1:A:137:LYS:N	0.42	2.82	8	1
1:A:73:ASN:HB3	1:A:140:GLN:CB	0.42	2.45	9	2
1:A:43:MET:HB3	1:A:76:MET:CG	0.42	2.44	17	1
1:A:75:VAL:C	1:A:76:MET:SD	0.42	3.03	19	1
1:A:56:ALA:O	1:A:59:PRO:HD2	0.42	2.13	35	2
1:A:96:TYR:CD1	1:A:99:ARG:HD3	0.42	2.49	20	1
1:A:132:VAL:O	1:A:136:MET:HG2	0.42	2.15	22	1
1:A:115:ASN:C	1:A:115:ASN:OD1	0.42	2.62	24	1
1:A:31:GLY:CA	1:A:75:VAL:CG1	0.42	2.97	26	2
1:A:22:HIS:O	1:A:23:ILE:HB	0.42	2.15	29	1
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:CD	0.42	2.68	1	2
1:A:28:LEU:HD23	1:A:29:GLU:N	0.42	2.29	3	1
1:A:64:SER:O	1:A:65:THR:C	0.42	2.63	4	9
1:A:90:PHE:CD1	1:A:90:PHE:C	0.42	2.97	31	2
1:A:133:VAL:O	1:A:137:LYS:N	0.42	2.53	13	1
1:A:43:MET:HE2	1:A:102:PHE:CE2	0.42	2.49	23	1
1:A:44:VAL:O	1:A:44:VAL:CG1	0.42	2.68	30	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:55:LYS:O	1:A:58:LYS:HG3	0.42	2.14	32	1
1:A:24:HIS:CG	1:A:76:MET:HG3	0.42	2.49	36	1
1:A:24:HIS:HA	1:A:76:MET:CA	0.42	2.44	8	1
1:A:47:HIS:CD2	1:A:80:GLU:OE1	0.42	2.73	14	1
1:A:44:VAL:CG1	1:A:45:ILE:N	0.42	2.82	36	3
1:A:114:ILE:CG2	1:A:124:TYR:CE2	0.42	3.03	20	1
1:A:22:HIS:CD2	1:A:22:HIS:O	0.42	2.73	39	2
1:A:144:THR:O	1:A:144:THR:HG23	0.42	2.15	31	1
1:A:54:CYS:O	1:A:58:LYS:CG	0.42	2.68	5	2
1:A:57:LEU:HB2	1:A:61:PHE:HB2	0.42	1.91	6	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:72:HIS:O	0.42	2.66	13	2
1:A:38:SER:CB	1:A:40:LEU:CD1	0.42	2.98	14	1
1:A:143:LEU:HD12	1:A:143:LEU:C	0.42	2.40	14	1
1:A:101:LEU:CD1	1:A:109:VAL:CG2	0.42	2.98	19	1
1:A:44:VAL:HG22	1:A:46:ILE:HD11	0.42	1.91	20	1
1:A:73:ASN:HB2	1:A:140:GLN:CB	0.42	2.45	22	1
1:A:87:ASP:O	1:A:90:PHE:CE1	0.42	2.72	28	1
1:A:43:MET:HE1	1:A:100:ILE:HB	0.42	1.91	34	1
1:A:70:LEU:C	1:A:72:HIS:N	0.42	2.78	21	8
1:A:25:TRP:HA	1:A:76:MET:O	0.42	2.15	34	2
1:A:115:ASN:CG	1:A:126:TYR:CZ	0.42	2.98	2	2
1:A:42:LEU:CB	1:A:77:VAL:HG21	0.42	2.44	5	1
1:A:46:ILE:HG12	1:A:79:LEU:HB2	0.42	1.92	5	1
1:A:44:VAL:HG21	1:A:103:LEU:CD1	0.42	2.44	6	1
1:A:100:ILE:CG2	1:A:124:TYR:O	0.42	2.68	7	1
1:A:92:PRO:HD3	1:A:96:TYR:CE1	0.42	2.50	23	2
1:A:104:ASP:N	1:A:110:HIS:CE1	0.42	2.88	13	1
1:A:22:HIS:CE1	1:A:68:SER:OG	0.42	2.73	14	1
1:A:57:LEU:HD13	1:A:61:PHE:HD2	0.42	1.74	17	1
1:A:55:LYS:CG	1:A:56:ALA:N	0.42	2.82	29	2
1:A:58:LYS:CG	1:A:59:PRO:CD	0.42	2.97	19	1
1:A:125:PHE:CD1	1:A:125:PHE:C	0.42	2.98	31	3
1:A:101:LEU:HB3	1:A:109:VAL:CG2	0.42	2.44	23	2
1:A:44:VAL:HG21	1:A:109:VAL:CG2	0.42	2.44	26	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:75:VAL:HG11	0.42	1.89	30	1
1:A:45:ILE:O	1:A:78:ASN:CA	0.42	2.67	32	1
1:A:26:ARG:HD3	1:A:26:ARG:C	0.42	2.39	38	1
1:A:70:LEU:O	1:A:72:HIS:N	0.42	2.53	23	6
1:A:89:ASP:OD1	1:A:109:VAL:HB	0.42	2.15	8	1
1:A:42:LEU:HD22	1:A:107:GLY:N	0.42	2.29	9	1
1:A:41:PRO:HG2	1:A:74:PHE:CD1	0.42	2.49	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:48:LYS:HB3	1:A:97:ILE:C	0.42	2.39	15	1
1:A:54:CYS:HA	1:A:57:LEU:HD21	0.42	1.92	18	1
1:A:44:VAL:CG1	1:A:101:LEU:CB	0.42	2.97	20	2
1:A:115:ASN:O	1:A:117:ASN:N	0.42	2.53	30	2
1:A:131:GLN:O	1:A:134:GLN:N	0.42	2.52	23	1
1:A:45:ILE:HD12	1:A:100:ILE:CD1	0.42	2.45	24	1
1:A:68:SER:O	1:A:72:HIS:HB2	0.42	2.14	29	1
1:A:41:PRO:HG2	1:A:74:PHE:CD2	0.42	2.50	38	1
1:A:110:HIS:CD2	1:A:110:HIS:O	0.42	2.72	39	1
1:A:26:ARG:HB3	1:A:76:MET:HE3	0.42	1.92	8	1
1:A:43:MET:SD	1:A:102:PHE:CZ	0.42	3.13	36	2
1:A:40:LEU:CG	1:A:74:PHE:HA	0.42	2.42	11	3
1:A:103:LEU:HD23	1:A:103:LEU:H	0.42	1.74	22	4
1:A:42:LEU:CA	1:A:75:VAL:O	0.42	2.68	18	1
1:A:42:LEU:HD21	1:A:107:GLY:CA	0.42	2.45	19	1
1:A:42:LEU:O	1:A:103:LEU:HG	0.42	2.15	19	1
1:A:89:ASP:C	1:A:101:LEU:CD2	0.42	2.93	32	2
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:HD13	0.42	2.14	24	1
1:A:48:LYS:O	1:A:49:SER:CB	0.42	2.68	25	1
1:A:22:HIS:O	1:A:22:HIS:CD2	0.42	2.73	29	1
1:A:70:LEU:HD22	1:A:136:MET:SD	0.42	2.55	35	1
1:A:24:HIS:CD2	1:A:25:TRP:CZ3	0.41	3.08	1	2
1:A:96:TYR:CZ	1:A:122:TYR:O	0.41	2.73	29	2
1:A:60:LYS:C	1:A:62:ALA:N	0.41	2.77	34	3
1:A:61:PHE:CZ	1:A:64:SER:OG	0.41	2.72	8	1
1:A:61:PHE:O	1:A:64:SER:N	0.41	2.37	8	1
1:A:24:HIS:HB3	1:A:43:MET:CG	0.41	2.45	30	2
1:A:42:LEU:CD2	1:A:75:VAL:CG1	0.41	2.98	39	2
1:A:76:MET:CG	1:A:76:MET:O	0.41	2.68	10	1
1:A:57:LEU:HD11	1:A:126:TYR:CE2	0.41	2.50	11	1
1:A:93:ASP:OD1	1:A:124:TYR:CE2	0.41	2.73	13	1
1:A:126:TYR:CE1	1:A:132:VAL:HA	0.41	2.50	20	2
1:A:27:THR:N	1:A:76:MET:HB2	0.41	2.28	21	1
1:A:103:LEU:HD12	1:A:107:GLY:C	0.41	2.40	21	1
1:A:40:LEU:HD13	1:A:75:VAL:H	0.41	1.75	23	1
1:A:45:ILE:N	1:A:77:VAL:O	0.41	2.52	23	1
1:A:23:ILE:HG12	1:A:24:HIS:CD2	0.41	2.50	26	1
1:A:103:LEU:CD2	1:A:109:VAL:HB	0.41	2.45	27	1
1:A:64:SER:HB3	1:A:67:ILE:CG2	0.41	2.45	29	1
1:A:22:HIS:HB2	1:A:26:ARG:CG	0.41	2.44	30	1
1:A:122:TYR:HB3	1:A:125:PHE:HB3	0.41	1.92	30	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:96:TYR:CE1	1:A:99:ARG:HB3	0.41	2.50	38	1
1:A:84:GLU:CB	1:A:85:PRO:HD3	0.41	2.44	3	2
1:A:85:PRO:O	1:A:90:PHE:CD2	0.41	2.74	7	2
1:A:123:LYS:O	1:A:124:TYR:C	0.41	2.62	19	2
1:A:126:TYR:CD1	1:A:126:TYR:C	0.41	2.98	9	2
1:A:40:LEU:CD2	1:A:40:LEU:O	0.41	2.68	11	1
1:A:133:VAL:O	1:A:137:LYS:HD2	0.41	2.14	18	2
1:A:85:PRO:HG3	1:A:90:PHE:CD1	0.41	2.49	23	1
1:A:23:ILE:HG12	1:A:24:HIS:N	0.41	2.30	26	2
1:A:74:PHE:HZ	1:A:136:MET:HB2	0.41	1.76	28	1
1:A:24:HIS:CB	1:A:76:MET:HG3	0.41	2.44	34	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:40:LEU:C	0.41	2.94	40	1
1:A:24:HIS:ND1	1:A:45:ILE:CD1	0.41	2.83	4	1
1:A:87:ASP:O	1:A:90:PHE:CD1	0.41	2.73	10	1
1:A:92:PRO:HB2	1:A:124:TYR:CD1	0.41	2.50	18	1
1:A:47:HIS:CD2	1:A:78:ASN:OD1	0.41	2.74	23	1
1:A:31:GLY:C	1:A:42:LEU:HD11	0.41	2.40	27	1
1:A:75:VAL:HG23	1:A:76:MET:HE3	0.41	1.93	28	1
1:A:76:MET:HE3	1:A:76:MET:H	0.41	1.74	28	1
1:A:114:ILE:CB	1:A:123:LYS:HB3	0.41	2.44	30	1
1:A:69:GLU:O	1:A:72:HIS:CE1	0.41	2.74	39	1
1:A:61:PHE:O	1:A:61:PHE:CD1	0.41	2.74	5	1
1:A:93:ASP:CG	1:A:124:TYR:CD2	0.41	2.98	8	1
1:A:132:VAL:O	1:A:136:MET:CB	0.41	2.69	14	1
1:A:114:ILE:HB	1:A:123:LYS:O	0.41	2.15	16	1
1:A:22:HIS:O	1:A:22:HIS:CG	0.41	2.73	23	2
1:A:43:MET:HE3	1:A:102:PHE:CE2	0.41	2.50	19	1
1:A:97:ILE:N	1:A:97:ILE:HD13	0.41	2.31	20	2
1:A:43:MET:N	1:A:77:VAL:HG23	0.41	2.29	21	1
1:A:42:LEU:CD1	1:A:75:VAL:CG1	0.41	2.98	22	2
1:A:91:SER:HA	1:A:96:TYR:CE1	0.41	2.51	26	1
1:A:22:HIS:CD2	1:A:26:ARG:HD3	0.41	2.51	28	1
1:A:113:ILE:CD1	1:A:142:ARG:NH1	0.41	2.84	29	1
1:A:44:VAL:O	1:A:101:LEU:O	0.41	2.38	35	1
1:A:74:PHE:CE2	1:A:140:GLN:HB3	0.41	2.50	36	1
1:A:99:ARG:NH2	1:A:122:TYR:O	0.41	2.53	38	1
1:A:46:ILE:HG21	1:A:90:PHE:CE2	0.41	2.51	3	1
1:A:57:LEU:HD21	1:A:128:SER:H	0.41	1.75	5	1
1:A:80:GLU:O	1:A:80:GLU:CG	0.41	2.69	7	1
1:A:24:HIS:C	1:A:76:MET:CB	0.41	2.94	8	1
1:A:45:ILE:HG12	1:A:100:ILE:CG2	0.41	2.44	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:74:PHE:CE2	1:A:76:MET:SD	0.41	3.14	15	1
1:A:24:HIS:O	1:A:78:ASN:HB3	0.41	2.15	17	2
1:A:72:HIS:C	1:A:74:PHE:N	0.41	2.78	20	1
1:A:85:PRO:HG3	1:A:90:PHE:CD2	0.41	2.51	23	1
1:A:56:ALA:O	1:A:60:LYS:CG	0.41	2.68	24	1
1:A:139:ALA:CB	1:A:143:LEU:HD23	0.41	2.38	33	1
1:A:24:HIS:CD2	1:A:67:ILE:O	0.41	2.73	34	1
1:A:46:ILE:O	1:A:99:ARG:C	0.41	2.63	36	1
1:A:105:PRO:O	1:A:106:SER:HB3	0.41	2.16	23	2
1:A:79:LEU:CD1	1:A:85:PRO:HG3	0.41	2.46	5	1
1:A:60:LYS:O	1:A:63:GLU:HB3	0.41	2.14	10	2
1:A:143:LEU:N	1:A:143:LEU:CD2	0.41	2.83	10	1
1:A:28:LEU:HD21	1:A:42:LEU:CD1	0.41	2.45	11	1
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:CG2	0.41	2.67	23	2
1:A:96:TYR:OH	1:A:124:TYR:CD1	0.41	2.68	14	2
1:A:26:ARG:N	1:A:76:MET:HB3	0.41	2.31	21	1
1:A:114:ILE:O	1:A:126:TYR:CE1	0.41	2.73	24	1
1:A:26:ARG:HG2	1:A:76:MET:SD	0.41	2.55	33	1
1:A:24:HIS:O	1:A:75:VAL:HB	0.41	2.16	34	1
1:A:100:ILE:O	1:A:100:ILE:CG1	0.41	2.69	34	1
1:A:140:GLN:O	1:A:144:THR:CG2	0.41	2.69	12	5
1:A:43:MET:HE3	1:A:102:PHE:CZ	0.41	2.50	7	1
1:A:72:HIS:O	1:A:74:PHE:N	0.41	2.53	9	1
1:A:57:LEU:HD21	1:A:126:TYR:CE2	0.41	2.51	11	1
1:A:57:LEU:CD1	1:A:61:PHE:CG	0.41	3.03	11	1
1:A:48:LYS:CB	1:A:97:ILE:C	0.41	2.93	15	1
1:A:48:LYS:CD	1:A:99:ARG:CZ	0.41	2.99	15	1
1:A:28:LEU:CA	1:A:77:VAL:HG21	0.41	2.46	19	1
1:A:103:LEU:HB2	1:A:109:VAL:HA	0.41	1.92	20	2
1:A:26:ARG:HG3	1:A:76:MET:SD	0.41	2.55	21	1
1:A:103:LEU:CD2	1:A:109:VAL:N	0.41	2.83	24	1
1:A:24:HIS:ND1	1:A:43:MET:HG2	0.41	2.31	25	1
1:A:76:MET:H	1:A:76:MET:CE	0.41	2.29	28	1
1:A:24:HIS:HB3	1:A:45:ILE:HD12	0.41	1.91	29	2
1:A:113:ILE:HG21	1:A:143:LEU:HD21	0.41	1.92	32	1
1:A:24:HIS:CB	1:A:45:ILE:CD1	0.41	2.98	38	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:73:ASN:O	0.41	2.15	11	1
1:A:46:ILE:HG12	1:A:79:LEU:CB	0.41	2.42	16	1
1:A:79:LEU:HD13	1:A:83:GLU:HB3	0.41	1.92	18	1
1:A:26:ARG:C	1:A:27:THR:CG2	0.41	2.94	26	1
1:A:43:MET:O	1:A:76:MET:HA	0.41	2.16	36	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:VAL:CG1	1:A:77:VAL:O	0.41	2.67	40	1
1:A:94:GLY:CA	1:A:99:ARG:CZ	0.41	2.99	3	1
1:A:74:PHE:HB2	1:A:136:MET:HE2	0.41	1.92	4	1
1:A:23:ILE:HD12	1:A:23:ILE:N	0.41	2.31	7	1
1:A:115:ASN:OD1	1:A:115:ASN:C	0.41	2.63	19	3
1:A:45:ILE:CG1	1:A:78:ASN:HB2	0.41	2.46	8	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:74:PHE:HB3	0.41	1.93	11	1
1:A:42:LEU:HG	1:A:103:LEU:HD21	0.41	1.92	14	2
1:A:114:ILE:HG13	1:A:115:ASN:H	0.41	1.76	12	1
1:A:41:PRO:O	1:A:74:PHE:CB	0.41	2.69	14	1
1:A:43:MET:HE1	1:A:101:LEU:C	0.41	2.41	15	1
1:A:74:PHE:CD2	1:A:76:MET:SD	0.41	3.14	19	2
1:A:24:HIS:C	1:A:25:TRP:CG	0.41	2.99	17	1
1:A:132:VAL:O	1:A:136:MET:HB2	0.41	2.15	17	1
1:A:23:ILE:H	1:A:25:TRP:CD1	0.41	2.34	18	1
1:A:43:MET:CG	1:A:45:ILE:CD1	0.41	2.99	20	1
1:A:97:ILE:HD13	1:A:97:ILE:H	0.41	1.76	20	1
1:A:132:VAL:HG22	1:A:136:MET:HE2	0.41	1.92	20	1
1:A:43:MET:N	1:A:77:VAL:CG2	0.41	2.84	21	1
1:A:102:PHE:CD1	1:A:113:ILE:O	0.41	2.74	21	1
1:A:73:ASN:CB	1:A:140:GLN:HB2	0.41	2.45	22	2
1:A:49:SER:O	1:A:50:TRP:CD1	0.41	2.74	26	1
1:A:53:ALA:O	1:A:57:LEU:CD1	0.41	2.66	27	1
1:A:133:VAL:O	1:A:136:MET:HG3	0.41	2.16	28	1
1:A:43:MET:SD	1:A:74:PHE:CG	0.41	3.14	30	1
1:A:100:ILE:HD12	1:A:100:ILE:N	0.41	2.31	31	1
1:A:115:ASN:ND2	1:A:126:TYR:CE2	0.41	2.88	32	1
1:A:132:VAL:O	1:A:136:MET:CG	0.41	2.68	32	1
1:A:67:ILE:CG2	1:A:71:SER:CB	0.41	2.95	33	1
1:A:96:TYR:CG	1:A:122:TYR:CE1	0.41	3.09	33	1
1:A:100:ILE:HD12	1:A:102:PHE:HE1	0.41	1.76	39	1
1:A:89:ASP:O	1:A:101:LEU:CD1	0.41	2.69	12	2
1:A:52:GLY:O	1:A:55:LYS:N	0.41	2.54	7	1
1:A:25:TRP:CH2	1:A:61:PHE:CE2	0.41	3.09	9	1
1:A:26:ARG:O	1:A:27:THR:HG22	0.41	2.16	10	1
1:A:110:HIS:CE1	1:A:112:GLU:OE2	0.41	2.75	12	1
1:A:61:PHE:CE1	1:A:64:SER:OG	0.41	2.73	16	1
1:A:92:PRO:HG3	1:A:124:TYR:CD2	0.41	2.52	26	1
1:A:73:ASN:HB3	1:A:140:GLN:HB3	0.41	1.92	28	1
1:A:24:HIS:HB2	1:A:76:MET:CG	0.41	2.44	34	1
1:A:46:ILE:CB	1:A:99:ARG:O	0.41	2.69	36	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:ILE:C	1:A:25:TRP:H	0.40	2.17	2	1
1:A:96:TYR:CE2	1:A:124:TYR:HB2	0.40	2.51	2	1
1:A:93:ASP:CG	1:A:124:TYR:CE2	0.40	2.99	8	1
1:A:119:ASN:HB2	1:A:120:PRO:HD2	0.40	1.93	13	1
1:A:123:LYS:C	1:A:125:PHE:N	0.40	2.79	29	3
1:A:24:HIS:C	1:A:25:TRP:CD2	0.40	3.00	19	2
1:A:114:ILE:O	1:A:115:ASN:HB2	0.40	2.17	19	2
1:A:47:HIS:CE1	1:A:80:GLU:CD	0.40	2.99	29	1
1:A:57:LEU:HD12	1:A:61:PHE:HB2	0.40	1.92	29	1
1:A:22:HIS:NE2	1:A:68:SER:OG	0.40	2.54	30	1
1:A:46:ILE:CG2	1:A:98:PRO:HB3	0.40	2.45	36	1
1:A:76:MET:N	1:A:76:MET:SD	0.40	2.94	36	1
1:A:74:PHE:CE1	1:A:140:GLN:HG2	0.40	2.52	37	1
1:A:99:ARG:NE	1:A:122:TYR:CE1	0.40	2.89	11	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:74:PHE:CA	0.40	2.99	20	1
1:A:57:LEU:C	1:A:57:LEU:CD1	0.40	2.94	20	1
1:A:56:ALA:HB1	1:A:60:LYS:HE2	0.40	1.93	24	1
1:A:101:LEU:HA	1:A:124:TYR:CD1	0.40	2.51	27	1
1:A:55:LYS:O	1:A:58:LYS:HG2	0.40	2.16	29	1
1:A:73:ASN:OD1	1:A:74:PHE:CZ	0.40	2.74	31	1
1:A:115:ASN:HB2	1:A:123:LYS:O	0.40	2.16	36	1
1:A:44:VAL:HB	1:A:101:LEU:CD2	0.40	2.47	4	1
1:A:101:LEU:N	1:A:101:LEU:CD1	0.40	2.83	4	1
1:A:99:ARG:CZ	1:A:125:PHE:CE2	0.40	3.05	16	1
1:A:96:TYR:OH	1:A:101:LEU:CD1	0.40	2.68	18	1
1:A:74:PHE:CZ	1:A:136:MET:HG3	0.40	2.51	23	1
1:A:73:ASN:OD1	1:A:140:GLN:HB2	0.40	2.16	28	1
1:A:45:ILE:CG1	1:A:100:ILE:HG22	0.40	2.46	34	1
1:A:43:MET:CE	1:A:102:PHE:N	0.40	2.84	37	1
1:A:75:VAL:O	1:A:75:VAL:CG1	0.40	2.69	37	1
1:A:58:LYS:HG2	1:A:58:LYS:H	0.40	1.57	4	1
1:A:73:ASN:CG	1:A:140:GLN:HB2	0.40	2.41	6	1
1:A:103:LEU:HA	1:A:110:HIS:CE1	0.40	2.52	6	1
1:A:23:ILE:CG1	1:A:68:SER:HA	0.40	2.46	24	1
1:A:93:ASP:OD1	1:A:124:TYR:CD1	0.40	2.75	24	1
1:A:25:TRP:CZ3	1:A:45:ILE:HD12	0.40	2.52	26	1
1:A:43:MET:SD	1:A:136:MET:HE2	0.40	2.56	2	1
1:A:102:PHE:HB3	1:A:113:ILE:CG2	0.40	2.47	3	1
1:A:93:ASP:OD2	1:A:124:TYR:CE2	0.40	2.75	7	1
1:A:42:LEU:HG	1:A:103:LEU:CD2	0.40	2.46	14	1
1:A:42:LEU:HB3	1:A:103:LEU:CD1	0.40	2.46	24	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:103:LEU:HB3	1:A:108:LYS:O	0.40	2.17	25	1
1:A:114:ILE:HG12	1:A:115:ASN:N	0.40	2.32	27	1
1:A:100:ILE:CG1	1:A:124:TYR:O	0.40	2.70	39	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	123/157 (78%)	85±4 (69±3%)	23±4 (19±3%)	15±2 (12±2%)	1	6
All	All	4920/6280 (78%)	3385 (69%)	925 (19%)	610 (12%)	1	6

All 51 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	23	ILE	39
1	A	64	SER	37
1	A	123	LYS	37
1	A	128	SER	37
1	A	105	PRO	35
1	A	106	SER	35
1	A	121	SER	35
1	A	27	THR	33
1	A	122	TYR	25
1	A	127	VAL	24
1	A	124	TYR	23
1	A	76	MET	21
1	A	92	PRO	18
1	A	71	SER	17
1	A	51	CYS	15
1	A	96	TYR	13
1	A	37	ALA	13
1	A	49	SER	12
1	A	50	TRP	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	144	THR	11
1	A	115	ASN	11
1	A	86	LYS	10
1	A	93	ASP	8
1	A	77	VAL	8
1	A	83	GLU	7
1	A	22	HIS	6
1	A	84	GLU	6
1	A	85	PRO	6
1	A	118	GLY	6
1	A	58	LYS	5
1	A	95	GLY	5
1	A	109	VAL	5
1	A	25	TRP	4
1	A	26	ARG	4
1	A	29	GLU	3
1	A	114	ILE	3
1	A	80	GLU	3
1	A	24	HIS	2
1	A	113	ILE	2
1	A	72	HIS	2
1	A	73	ASN	2
1	A	44	VAL	2
1	A	74	PHE	1
1	A	119	ASN	1
1	A	48	LYS	1
1	A	89	ASP	1
1	A	41	PRO	1
1	A	87	ASP	1
1	A	94	GLY	1
1	A	52	GLY	1
1	A	110	HIS	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	107/134 (80%)	68±4 (64±4%)	39±4 (36±4%)	1 9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles
All	All	4280/5360 (80%)	2738 (64%)	1542 (36%)	1 9

All 94 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	76	MET	40
1	A	98	PRO	40
1	A	114	ILE	40
1	A	25	TRP	38
1	A	60	LYS	37
1	A	71	SER	36
1	A	65	THR	34
1	A	140	GLN	33
1	A	97	ILE	31
1	A	48	LYS	30
1	A	123	LYS	30
1	A	132	VAL	30
1	A	108	LYS	28
1	A	101	LEU	27
1	A	122	TYR	27
1	A	66	GLU	25
1	A	27	THR	25
1	A	33	LYS	24
1	A	70	LEU	24
1	A	87	ASP	24
1	A	130	GLU	24
1	A	138	GLU	24
1	A	29	GLU	23
1	A	30	ASP	22
1	A	58	LYS	22
1	A	99	ARG	22
1	A	80	GLU	21
1	A	83	GLU	21
1	A	96	TYR	21
1	A	112	GLU	21
1	A	103	LEU	21
1	A	32	LYS	20
1	A	86	LYS	20
1	A	57	LEU	19
1	A	78	ASN	19
1	A	84	GLU	19

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	46	ILE	19
1	A	68	SER	19
1	A	47	HIS	19
1	A	49	SER	19
1	A	82	GLU	18
1	A	26	ARG	17
1	A	79	LEU	17
1	A	121	SER	17
1	A	109	VAL	17
1	A	74	PHE	16
1	A	104	ASP	16
1	A	136	MET	16
1	A	93	ASP	16
1	A	42	LEU	14
1	A	55	LYS	14
1	A	77	VAL	14
1	A	110	HIS	14
1	A	117	ASN	13
1	A	131	GLN	13
1	A	63	GLU	13
1	A	143	LEU	13
1	A	45	ILE	12
1	A	89	ASP	12
1	A	38	SER	11
1	A	100	ILE	11
1	A	141	GLU	11
1	A	142	ARG	11
1	A	72	HIS	10
1	A	116	GLU	10
1	A	106	SER	10
1	A	24	HIS	9
1	A	88	GLU	9
1	A	126	TYR	9
1	A	102	PHE	9
1	A	40	LEU	9
1	A	34	GLU	8
1	A	22	HIS	8
1	A	43	MET	8
1	A	91	SER	8
1	A	51	CYS	8
1	A	28	LEU	7
1	A	69	GLU	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	23	ILE	6
1	A	128	SER	6
1	A	137	LYS	5
1	A	81	ASP	5
1	A	127	VAL	4
1	A	90	PHE	4
1	A	54	CYS	4
1	A	67	ILE	3
1	A	113	ILE	3
1	A	73	ASN	2
1	A	119	ASN	2
1	A	75	VAL	1
1	A	115	ASN	1
1	A	133	VAL	1
1	A	134	GLN	1
1	A	44	VAL	1

6.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no oligosaccharides in this entry.

6.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers [i](#)

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