



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Mar 5, 2026 – 05:15 PM UTC

PDB ID : 1LSI / pdb_00001lsi
Title : LSIII (NMR, 23 STRUCTURES)
Authors : Connolly, P.J.; Stern, A.S.; Hoch, J.C.
Deposited on : 1995-11-26

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

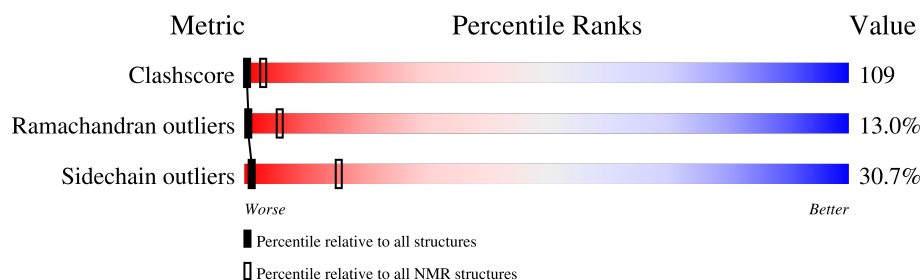
1 Overall quality at a glance

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	66	 5% 65% 26% . .

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 23 models. Model 7 is the overall representative, medoid model (most similar to other models).

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:1-A:64 (64)	1.13	7

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 4 single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	1, 5, 7, 8, 10, 16, 17, 19, 20
2	4, 11, 13, 23
3	18, 21
4	12, 22
5	3, 15
Single-model clusters	2; 6; 9; 14

3 Entry composition [i](#)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 959 atoms, of which 458 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called LSIIL.

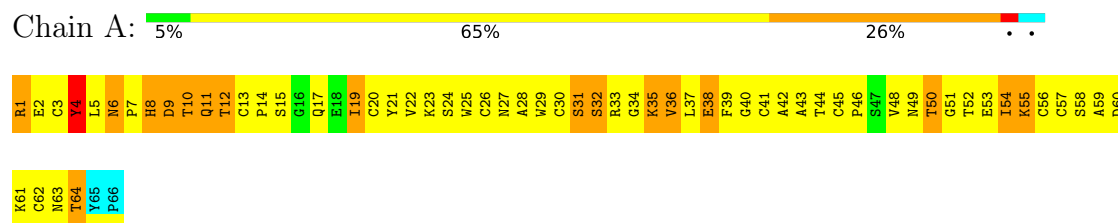
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	66	Total	C	H	N	O	S	0
			959	305	458	86	100	10	

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: LSIII

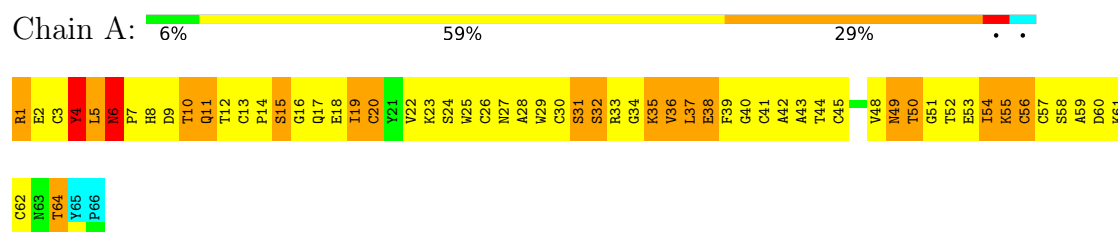


4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

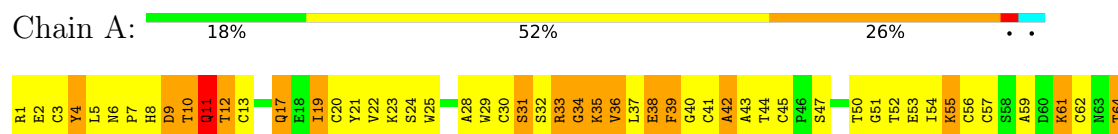
4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: LSIII



4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: LSIII



Y65
P66

4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: LSIII

Chain A: 8% 52% 33% 5% •

R1 E2 C3 Y4 L5 N6 P7 H8 D9 T10 Q11 T12 C13 P14 S15 G16 Q17 E18 I19 C20 Y21 V22 K23 S24 W25 C26 N27 A28 W29 C30 S31 S32 R33 R34 G34 K35 K36 V36 L37 E38 F39 G40 C41 A42 A43 T44 C45 P46 S47 V48 N49 T50 G51 T52 E53 I54 K55 C56 C57 S58 A59 D60

K61 C62 N63 T64 Y65 P66

4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: LSIII

Chain A: 15% 50% 26% 6% •

R1 E2 C3 Y4 L5 N6 P7 H8 D9 T10 Q11 T12 C13 P14 Q17 I19 C20 Y21 V22 K23 S24 W25 C26 N27 A28 W29 C30 S31 S32 R33 R34 G34 K35 K36 V36 L37 E38 F39 G40 C41 A42 A43 T44 C45 P46 S47 V48 N49 T50 G51 T52 E53 I54 K55 C56 C57 S58 A59 D60 K61

C62 N63 T64 Y65 P66

4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: LSIII

Chain A: 9% 55% 29% 5% •

R1 E2 C3 Y4 L5 N6 P7 H8 D9 T10 Q11 T12 C13 P14 I19 C20 Y21 V22 K23 S24 W25 C26 N27 A28 W29 C30 S31 S32 R33 R34 G34 K35 K36 V36 L37 E38 F39 G40 C41 A42 A43 T44 C45 P46 S47 V48 N49 T50 G51 T52 E53 I54 K55 C56 C57 S58 A59 D60 N63

T64 Y65 P66

4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: LSIII

Chain A: 14% 56% 24% • •

R1 E2 C3 Y4 L5 N6 P7 H8 D9 T10 Q11 T12 C13 P14 S15 G16 Q17 E18 I19 C20 Y21 V22 K23 S24 W25 C26 N27 A28 W29 C30 S31 S32 R33 R34 G34 K35 K36 V36 L37 E38 F39 G40 C41 A42 A43 T44 C45 P46 S47 V48 N49 T50 G51 T52 E53 I54 K55 C56 C57 S58 A59 D60



4.2.7 Score per residue for model 7 (medoid)

- Molecule 1: LSIII

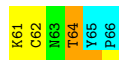
Chain A: 9% 52% 27% 9% .



4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: LSIII

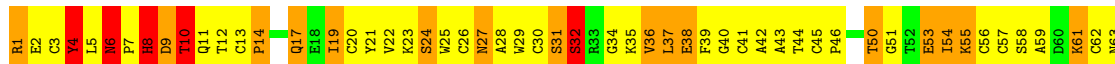
Chain A: 11% 65% 18% . .



4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: LSIII

Chain A: 14% 50% 26% 8% .



4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: LSIII

Chain A: 11% 56% 21% 9% .



P66

4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: LSIII

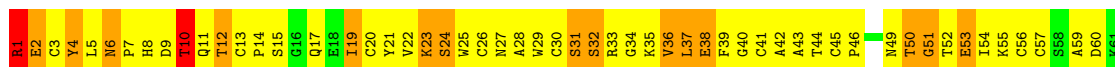
Chain A: 12% 61% 23% . .

N63
T64
Y65
P66

4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: LSIII

Chain A: 11% 59% 24% . .

C62
N63
T64
Y65
P66

4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: LSIII

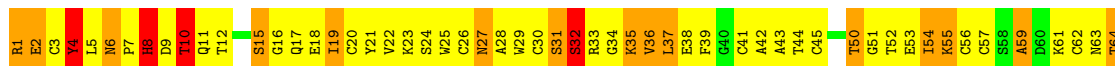
Chain A: 5% 61% 27% 5% .

K61
C62
N63
T64
Y65
P66

4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: LSIII

Chain A: 14% 55% 23% 6% .



Y65
P66

4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: LSIH

Chain A: 8% 62% 21% 6% .

R1 E2 C3 Y4 L5 M6 P7 H8 D9 T10 Q11 T12 C13 P14 Q17 Q18 E18 I19 C20 Y21 V22 K23 S24 W25 C26 N27 A28 W29 C30 S31 S32 R33 G34 K35 V36 L37 E38 F39 G40 C41 A42 A43 T44 C45 P46 S47 V48 N49 T50 G51 T52 E53 I54 K55 C56 C57 S58 A59 D60 K61

C62 M63 T64 Y65 P66

4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: LSIH

Chain A: 6% 62% 23% 6% .

R1 E2 C3 Y4 L5 M6 P7 H8 D9 T10 Q11 T12 C13 P14 Q17 Q18 E18 I19 C20 Y21 V22 K23 S24 W25 C26 N27 A28 W29 C30 S31 S32 R33 G34 K35 V36 L37 E38 F39 G40 C41 A42 A43 T44 C45 P46 S47 T50 G51 T52 E53 I54 K55 C56 C57 S58 A59 D60 K61 C62

M63 T64 Y65 P66

4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: LSIH

Chain A: 8% 53% 30% 6% .

R1 E2 C3 Y4 L5 M6 P7 H8 D9 T10 Q11 T12 C13 P14 Q17 Q18 E18 I19 C20 Y21 V22 K23 S24 W25 C26 N27 A28 W29 C30 S31 S32 R33 G34 K35 V36 L37 E38 F39 G40 C41 A42 A43 T44 C45 P46 S47 V48 N49 T50 G51 T52 E53 I54 K55 C56 C57 S58 A59 D60 K61 C62

M63 T64 Y65 P66

4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: LSIH

Chain A: 15% 55% 24% . .

R1 E2 C3 Y4 L5 M6 P7 H8 D9 T10 Q11 T12 C13 P14 Q17 Q18 E18 I19 C20 Y21 V22 K23 S24 W25 C26 N27 A28 W29 C30 S31 S32 R33 G34 K35 V36 L37 E38 F39 G40 C41 A42 A43 T44 C45 P46 T50 G51 T52 E53 I54 K55 C56 C57 S58 A59 D60 K61 C62 M63



4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: LSIH

Chain A: 14% 62% 18% • •



4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: LSIH

Chain A: 9% 58% 24% 6% •



4.2.21 Score per residue for model 21

- Molecule 1: LSIH

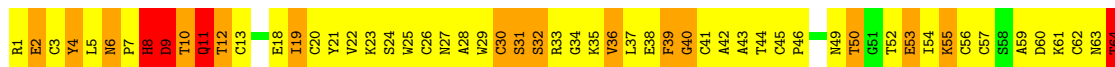
Chain A: 12% 62% 20% • •



4.2.22 Score per residue for model 22

- Molecule 1: LSIH

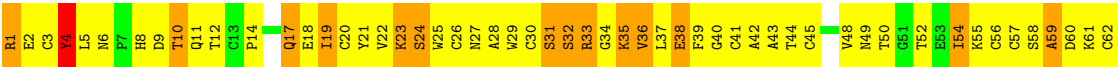
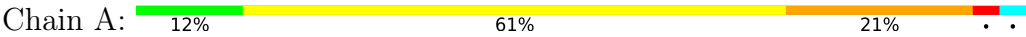
Chain A: 12% 56% 23% 6% •





4.2.23 Score per residue for model 23

● Molecule 1: LSIII



5 Refinement protocol and experimental data overview ⓘ

Of the ? calculated structures, 23 were deposited, based on the following criterion: ?.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR	refinement	3.1

No chemical shift data was provided.

6 Model quality [i](#)

6.1 Standard geometry [i](#)

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	#Z>5	RMSZ	#Z>5
1	A	1.39±0.01	0±0/492 (0.0± 0.1%)	1.28±0.02	0±0/669 (0.0± 0.1%)
All	All	1.39	5/11316 (0.0%)	1.28	5/15387 (0.0%)

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	1.9±0.3
All	All	0	43

All unique bond outliers are listed below.

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)	Models	
								Worst	Total
1	A	40	GLY	N-CA	5.97	1.49	1.44	10	5

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	39	PHE	CA-CB-CG	-5.41	108.39	113.80	2	2
1	A	51	GLY	N-CA-C	-5.34	108.80	114.67	12	1
1	A	60	ASP	N-CA-C	-5.14	106.76	112.57	16	2

There are no chirality outliers.

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

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	1	ARG	Sidechain	22
1	A	33	ARG	Sidechain	21

6.2 Too-close contacts [i](#)

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in 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	481	442	442	101±10
All	All	11063	10166	10166	2314

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 109.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:LEU:N	1:A:10:THR:HG21	1.02	1.70	19	13
1:A:48:VAL:HG13	1:A:52:THR:O	0.95	1.62	19	7
1:A:6:ASN:OD1	1:A:10:THR:HG23	0.90	1.64	23	1
1:A:48:VAL:CG1	1:A:50:THR:HG22	0.86	1.99	13	1
1:A:22:VAL:HG11	1:A:62:CYS:HB3	0.84	1.48	14	5
1:A:23:LYS:HD3	1:A:52:THR:HG21	0.84	1.48	4	1
1:A:6:ASN:ND2	1:A:10:THR:HG23	0.83	1.87	8	11
1:A:3:CYS:O	1:A:10:THR:HG22	0.83	1.74	8	2
1:A:4:TYR:O	1:A:10:THR:HG21	0.83	1.73	21	7
1:A:5:LEU:HD11	1:A:59:ALA:O	0.82	1.73	23	1
1:A:4:TYR:C	1:A:10:THR:HG21	0.82	1.99	20	11
1:A:4:TYR:HB2	1:A:5:LEU:HD12	0.78	1.55	1	4
1:A:5:LEU:H	1:A:10:THR:HG21	0.78	1.39	12	6
1:A:17:GLN:OE1	1:A:43:ALA:HB2	0.77	1.79	1	2
1:A:48:VAL:HG12	1:A:50:THR:HG22	0.76	1.55	13	5
1:A:4:TYR:HB3	1:A:12:THR:HG22	0.76	1.55	19	3
1:A:36:VAL:C	1:A:37:LEU:HD12	0.75	2.07	4	12
1:A:21:TYR:CD2	1:A:54:ILE:HD11	0.74	2.17	8	5
1:A:4:TYR:HA	1:A:12:THR:HG22	0.74	1.58	20	8
1:A:11:GLN:C	1:A:12:THR:HG23	0.74	2.08	20	3
1:A:50:THR:O	1:A:50:THR:HG23	0.72	1.85	13	8
1:A:50:THR:HG23	1:A:51:GLY:N	0.72	2.00	1	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:ASN:HD22	1:A:10:THR:HG23	0.71	1.46	19	3
1:A:48:VAL:HG22	1:A:52:THR:O	0.71	1.85	3	1
1:A:22:VAL:HG23	1:A:22:VAL:O	0.71	1.86	11	23
1:A:6:ASN:HB2	1:A:7:PRO:HD3	0.70	1.62	6	1
1:A:8:HIS:CD2	1:A:39:PHE:CZ	0.69	2.80	5	3
1:A:22:VAL:HG11	1:A:62:CYS:HA	0.69	1.64	9	6
1:A:4:TYR:O	1:A:5:LEU:HD23	0.68	1.89	14	2
1:A:8:HIS:O	1:A:8:HIS:CG	0.67	2.46	15	5
1:A:4:TYR:H	1:A:12:THR:HG22	0.67	1.48	6	2
1:A:8:HIS:CE1	1:A:37:LEU:CB	0.67	2.78	8	16
1:A:8:HIS:CE1	1:A:37:LEU:HD23	0.67	2.25	10	1
1:A:21:TYR:C	1:A:21:TYR:CD1	0.67	2.73	10	15
1:A:4:TYR:O	1:A:5:LEU:CB	0.66	2.43	4	1
1:A:6:ASN:CB	1:A:7:PRO:CD	0.65	2.73	14	12
1:A:48:VAL:HG12	1:A:48:VAL:O	0.65	1.92	23	3
1:A:27:ASN:O	1:A:28:ALA:HB3	0.65	1.91	14	7
1:A:23:LYS:CD	1:A:25:TRP:CZ3	0.65	2.80	16	4
1:A:6:ASN:ND2	1:A:39:PHE:CE2	0.65	2.65	4	1
1:A:4:TYR:O	1:A:5:LEU:HB2	0.64	1.90	4	6
1:A:29:TRP:CD1	1:A:29:TRP:N	0.64	2.65	2	16
1:A:48:VAL:HG22	1:A:53:GLU:HA	0.64	1.69	10	1
1:A:5:LEU:CA	1:A:10:THR:HG21	0.64	2.22	16	9
1:A:4:TYR:CD1	1:A:4:TYR:N	0.64	2.66	13	15
1:A:21:TYR:CE1	1:A:23:LYS:CD	0.64	2.81	7	4
1:A:36:VAL:C	1:A:37:LEU:HD13	0.64	2.17	20	5
1:A:25:TRP:CZ2	1:A:36:VAL:O	0.64	2.51	11	22
1:A:28:ALA:C	1:A:29:TRP:CD1	0.64	2.76	12	23
1:A:23:LYS:CG	1:A:54:ILE:HD12	0.64	2.23	12	1
1:A:22:VAL:HG11	1:A:62:CYS:CB	0.63	2.23	14	9
1:A:23:LYS:CE	1:A:54:ILE:HD11	0.63	2.23	20	1
1:A:8:HIS:HE1	1:A:37:LEU:HD23	0.63	1.54	10	1
1:A:3:CYS:C	1:A:4:TYR:CG	0.62	2.76	16	17
1:A:3:CYS:O	1:A:4:TYR:CD1	0.62	2.52	15	4
1:A:9:ASP:O	1:A:10:THR:CB	0.62	2.46	15	11
1:A:23:LYS:CG	1:A:52:THR:HG21	0.62	2.24	23	5
1:A:5:LEU:C	1:A:10:THR:HG21	0.62	2.18	16	2
1:A:3:CYS:O	1:A:10:THR:HG21	0.62	1.94	13	6
1:A:8:HIS:CG	1:A:37:LEU:O	0.62	2.52	12	7
1:A:5:LEU:C	1:A:7:PRO:CD	0.61	2.73	15	2
1:A:8:HIS:N	1:A:8:HIS:CD2	0.61	2.67	14	2
1:A:30:CYS:O	1:A:32:SER:N	0.61	2.33	5	23

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:3:CYS:O	1:A:4:TYR:C	0.61	2.44	11	14
1:A:5:LEU:HD12	1:A:5:LEU:N	0.61	2.10	6	2
1:A:8:HIS:NE2	1:A:39:PHE:CZ	0.61	2.69	12	1
1:A:6:ASN:ND2	1:A:39:PHE:CD2	0.61	2.68	19	11
1:A:3:CYS:O	1:A:5:LEU:N	0.61	2.33	13	13
1:A:21:TYR:HD2	1:A:54:ILE:HD11	0.61	1.52	8	2
1:A:3:CYS:C	1:A:4:TYR:CD1	0.60	2.79	11	9
1:A:5:LEU:O	1:A:6:ASN:C	0.60	2.43	11	8
1:A:22:VAL:CG1	1:A:57:CYS:CB	0.60	2.80	18	22
1:A:6:ASN:N	1:A:7:PRO:CD	0.60	2.64	15	2
1:A:46:PRO:CG	1:A:54:ILE:HD13	0.60	2.26	10	4
1:A:6:ASN:OD1	1:A:7:PRO:N	0.60	2.34	5	5
1:A:54:ILE:HG23	1:A:55:LYS:N	0.60	2.11	6	2
1:A:48:VAL:HG12	1:A:50:THR:OG1	0.60	1.97	4	1
1:A:7:PRO:O	1:A:8:HIS:CG	0.59	2.55	8	7
1:A:37:LEU:CD1	1:A:37:LEU:N	0.59	2.64	7	18
1:A:7:PRO:O	1:A:8:HIS:CD2	0.59	2.55	16	7
1:A:3:CYS:HB3	1:A:10:THR:HG22	0.59	1.74	3	3
1:A:8:HIS:CE1	1:A:37:LEU:HB2	0.59	2.32	16	16
1:A:9:ASP:CG	1:A:39:PHE:CE2	0.59	2.80	21	2
1:A:6:ASN:CG	1:A:39:PHE:CE2	0.59	2.81	13	2
1:A:5:LEU:HA	1:A:10:THR:CB	0.59	2.27	22	3
1:A:61:LYS:HG3	1:A:64:THR:HG23	0.59	1.74	23	2
1:A:41:CYS:O	1:A:42:ALA:HB2	0.59	1.97	18	11
1:A:6:ASN:OD1	1:A:39:PHE:CD2	0.59	2.55	23	1
1:A:6:ASN:CB	1:A:7:PRO:HD2	0.58	2.27	14	10
1:A:21:TYR:CD1	1:A:21:TYR:O	0.58	2.56	4	3
1:A:6:ASN:CB	1:A:7:PRO:HD3	0.58	2.28	6	1
1:A:2:GLU:O	1:A:3:CYS:HB2	0.58	1.98	1	7
1:A:46:PRO:CB	1:A:54:ILE:HD13	0.58	2.28	10	1
1:A:1:ARG:O	1:A:4:TYR:CZ	0.58	2.56	23	1
1:A:25:TRP:O	1:A:37:LEU:CD1	0.58	2.52	2	11
1:A:9:ASP:OD1	1:A:39:PHE:CE1	0.58	2.56	3	1
1:A:25:TRP:CH2	1:A:36:VAL:O	0.58	2.57	3	14
1:A:6:ASN:OD1	1:A:39:PHE:CE2	0.58	2.56	11	1
1:A:46:PRO:HB2	1:A:54:ILE:HD13	0.58	1.76	10	4
1:A:9:ASP:O	1:A:10:THR:OG1	0.58	2.20	15	11
1:A:59:ALA:O	1:A:60:ASP:C	0.58	2.46	3	2
1:A:8:HIS:CE1	1:A:37:LEU:HB3	0.58	2.34	8	7
1:A:23:LYS:CG	1:A:54:ILE:CD1	0.58	2.81	12	3
1:A:46:PRO:HG2	1:A:54:ILE:CG2	0.58	2.29	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:CYS:SG	1:A:62:CYS:N	0.58	2.77	12	23
1:A:38:GLU:C	1:A:39:PHE:CD1	0.57	2.82	18	20
1:A:23:LYS:CG	1:A:52:THR:CG2	0.57	2.82	19	5
1:A:6:ASN:ND2	1:A:10:THR:CG2	0.57	2.67	9	2
1:A:6:ASN:C	1:A:6:ASN:OD1	0.57	2.47	12	2
1:A:4:TYR:O	1:A:10:THR:CG2	0.57	2.52	15	9
1:A:25:TRP:CE2	1:A:36:VAL:O	0.57	2.57	15	16
1:A:54:ILE:O	1:A:55:LYS:CG	0.57	2.52	6	4
1:A:3:CYS:O	1:A:10:THR:CG2	0.57	2.53	4	3
1:A:28:ALA:O	1:A:29:TRP:CD1	0.57	2.57	15	5
1:A:46:PRO:CG	1:A:54:ILE:CG2	0.57	2.83	9	1
1:A:11:GLN:CB	1:A:40:GLY:CA	0.57	2.82	1	2
1:A:22:VAL:HA	1:A:39:PHE:CD1	0.57	2.34	12	22
1:A:9:ASP:CG	1:A:39:PHE:CZ	0.57	2.83	21	3
1:A:25:TRP:O	1:A:37:LEU:HD11	0.57	1.99	8	17
1:A:23:LYS:CD	1:A:52:THR:HG21	0.57	2.30	19	3
1:A:37:LEU:HD12	1:A:37:LEU:N	0.57	2.14	4	2
1:A:1:ARG:O	1:A:4:TYR:CE2	0.57	2.58	23	3
1:A:2:GLU:O	1:A:3:CYS:CB	0.57	2.52	14	8
1:A:6:ASN:ND2	1:A:39:PHE:CZ	0.56	2.73	13	1
1:A:8:HIS:O	1:A:8:HIS:ND1	0.56	2.38	18	5
1:A:26:CYS:SG	1:A:27:ASN:N	0.56	2.78	18	12
1:A:21:TYR:CD1	1:A:21:TYR:C	0.56	2.81	4	3
1:A:9:ASP:CB	1:A:38:GLU:CB	0.56	2.84	14	4
1:A:37:LEU:HD13	1:A:37:LEU:N	0.56	2.14	20	2
1:A:8:HIS:O	1:A:9:ASP:CB	0.56	2.53	11	9
1:A:6:ASN:N	1:A:7:PRO:HD3	0.56	2.16	15	3
1:A:4:TYR:O	1:A:5:LEU:HD12	0.56	2.00	4	1
1:A:6:ASN:ND2	1:A:8:HIS:ND1	0.56	2.54	13	1
1:A:55:LYS:CG	1:A:56:CYS:N	0.56	2.69	2	2
1:A:8:HIS:CB	1:A:37:LEU:O	0.56	2.54	13	4
1:A:27:ASN:O	1:A:28:ALA:CB	0.56	2.54	14	7
1:A:11:GLN:CB	1:A:40:GLY:HA2	0.56	2.31	1	2
1:A:20:CYS:O	1:A:57:CYS:O	0.56	2.24	12	23
1:A:22:VAL:HG13	1:A:57:CYS:CB	0.56	2.30	3	17
1:A:9:ASP:HB2	1:A:39:PHE:CZ	0.56	2.36	18	2
1:A:60:ASP:CG	1:A:60:ASP:O	0.55	2.49	3	9
1:A:9:ASP:HB2	1:A:37:LEU:O	0.55	2.02	15	1
1:A:6:ASN:OD1	1:A:6:ASN:C	0.55	2.50	16	5
1:A:23:LYS:HD3	1:A:25:TRP:CZ3	0.55	2.36	6	1
1:A:3:CYS:O	1:A:4:TYR:O	0.55	2.25	4	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:22:VAL:O	1:A:22:VAL:CG2	0.55	2.55	22	23
1:A:6:ASN:ND2	1:A:9:ASP:O	0.55	2.40	21	4
1:A:11:GLN:O	1:A:11:GLN:CG	0.55	2.53	18	4
1:A:6:ASN:OD1	1:A:8:HIS:N	0.55	2.40	8	6
1:A:9:ASP:C	1:A:10:THR:OG1	0.55	2.50	16	17
1:A:17:GLN:CD	1:A:43:ALA:HB2	0.55	2.27	2	2
1:A:52:THR:HG22	1:A:53:GLU:N	0.55	2.15	22	2
1:A:47:SER:O	1:A:54:ILE:CG2	0.55	2.54	10	1
1:A:22:VAL:HG13	1:A:57:CYS:HB2	0.55	1.78	3	1
1:A:39:PHE:CE2	1:A:62:CYS:HB3	0.54	2.37	12	6
1:A:22:VAL:HG11	1:A:62:CYS:SG	0.54	2.42	6	4
1:A:13:CYS:SG	1:A:17:GLN:CB	0.54	2.96	13	2
1:A:50:THR:O	1:A:51:GLY:C	0.54	2.50	3	10
1:A:5:LEU:O	1:A:6:ASN:O	0.54	2.25	8	11
1:A:19:ILE:CD1	1:A:43:ALA:O	0.54	2.56	13	21
1:A:22:VAL:HB	1:A:39:PHE:CD1	0.54	2.38	12	13
1:A:5:LEU:C	1:A:10:THR:CG2	0.54	2.81	5	2
1:A:22:VAL:CG1	1:A:57:CYS:HB3	0.54	2.32	18	11
1:A:7:PRO:O	1:A:8:HIS:CB	0.54	2.55	7	5
1:A:6:ASN:HB3	1:A:7:PRO:CD	0.54	2.33	9	2
1:A:41:CYS:SG	1:A:42:ALA:N	0.54	2.81	9	8
1:A:25:TRP:C	1:A:37:LEU:HD11	0.54	2.28	4	4
1:A:53:GLU:CG	1:A:53:GLU:O	0.54	2.56	17	6
1:A:4:TYR:C	1:A:5:LEU:HG	0.54	2.28	23	9
1:A:4:TYR:O	1:A:5:LEU:HG	0.54	2.02	13	5
1:A:59:ALA:O	1:A:61:LYS:N	0.54	2.41	17	2
1:A:23:LYS:HD2	1:A:25:TRP:CZ3	0.54	2.38	1	3
1:A:8:HIS:CD2	1:A:9:ASP:OD2	0.54	2.61	21	1
1:A:4:TYR:C	1:A:10:THR:CG2	0.53	2.79	14	4
1:A:9:ASP:HB2	1:A:38:GLU:CB	0.53	2.33	14	4
1:A:24:SER:O	1:A:53:GLU:CG	0.53	2.56	9	3
1:A:5:LEU:CD1	1:A:59:ALA:O	0.53	2.56	11	3
1:A:11:GLN:O	1:A:12:THR:HG23	0.53	2.03	20	1
1:A:2:GLU:CG	1:A:58:SER:O	0.53	2.57	4	2
1:A:4:TYR:OH	1:A:59:ALA:CB	0.53	2.57	5	1
1:A:37:LEU:N	1:A:37:LEU:CD1	0.53	2.72	9	3
1:A:9:ASP:CB	1:A:37:LEU:O	0.53	2.56	15	1
1:A:23:LYS:HG3	1:A:52:THR:HG21	0.53	1.79	18	2
1:A:44:THR:O	1:A:45:CYS:C	0.53	2.52	19	23
1:A:6:ASN:HB2	1:A:7:PRO:HD2	0.53	1.80	1	8
1:A:39:PHE:N	1:A:39:PHE:CD1	0.53	2.74	11	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:HIS:CE1	1:A:9:ASP:OD2	0.53	2.62	3	1
1:A:23:LYS:HD3	1:A:25:TRP:CH2	0.53	2.38	6	1
1:A:6:ASN:HB3	1:A:7:PRO:HD2	0.53	1.80	9	2
1:A:30:CYS:O	1:A:31:SER:C	0.53	2.51	18	23
1:A:55:LYS:CD	1:A:62:CYS:O	0.53	2.57	2	1
1:A:39:PHE:CD1	1:A:39:PHE:N	0.53	2.73	20	10
1:A:8:HIS:ND1	1:A:37:LEU:HB2	0.53	2.19	13	5
1:A:36:VAL:O	1:A:37:LEU:HD12	0.53	2.03	21	2
1:A:25:TRP:N	1:A:25:TRP:CE3	0.53	2.77	18	13
1:A:61:LYS:CG	1:A:61:LYS:O	0.53	2.57	17	10
1:A:61:LYS:O	1:A:61:LYS:CG	0.53	2.57	9	10
1:A:46:PRO:CG	1:A:54:ILE:HG23	0.53	2.34	9	1
1:A:22:VAL:CG1	1:A:57:CYS:HB2	0.53	2.34	3	13
1:A:6:ASN:HB3	1:A:10:THR:HG23	0.53	1.79	12	1
1:A:22:VAL:CG1	1:A:62:CYS:SG	0.53	2.97	3	12
1:A:59:ALA:C	1:A:61:LYS:N	0.53	2.65	17	2
1:A:6:ASN:ND2	1:A:9:ASP:C	0.53	2.67	15	1
1:A:6:ASN:HA	1:A:9:ASP:O	0.52	2.03	15	5
1:A:5:LEU:HA	1:A:10:THR:OG1	0.52	2.04	16	10
1:A:23:LYS:HG3	1:A:54:ILE:CD1	0.52	2.34	12	2
1:A:5:LEU:O	1:A:6:ASN:OD1	0.52	2.27	12	1
1:A:52:THR:CG2	1:A:53:GLU:N	0.52	2.72	22	2
1:A:4:TYR:O	1:A:10:THR:CB	0.52	2.58	6	2
1:A:46:PRO:O	1:A:54:ILE:CG2	0.52	2.58	4	6
1:A:7:PRO:C	1:A:8:HIS:CG	0.52	2.87	6	4
1:A:9:ASP:CB	1:A:39:PHE:CZ	0.52	2.92	21	2
1:A:31:SER:O	1:A:32:SER:C	0.52	2.52	23	23
1:A:5:LEU:CD1	1:A:60:ASP:OD1	0.52	2.57	3	1
1:A:23:LYS:CG	1:A:54:ILE:HD11	0.52	2.34	7	1
1:A:2:GLU:C	1:A:3:CYS:SG	0.52	2.92	20	17
1:A:3:CYS:O	1:A:4:TYR:CD2	0.52	2.62	3	3
1:A:46:PRO:HB2	1:A:54:ILE:HG21	0.52	1.81	10	1
1:A:36:VAL:C	1:A:37:LEU:CD1	0.52	2.82	21	13
1:A:21:TYR:CE1	1:A:23:LYS:HD2	0.52	2.39	14	2
1:A:39:PHE:CD2	1:A:62:CYS:HB3	0.52	2.40	1	4
1:A:22:VAL:HG13	1:A:57:CYS:HB3	0.52	1.82	9	13
1:A:63:ASN:OD1	1:A:64:THR:N	0.52	2.43	16	3
1:A:6:ASN:CG	1:A:10:THR:HG23	0.52	2.30	12	2
1:A:54:ILE:C	1:A:55:LYS:CG	0.52	2.82	16	4
1:A:23:LYS:HG3	1:A:52:THR:CG2	0.52	2.35	18	7
1:A:47:SER:O	1:A:54:ILE:HG22	0.52	2.05	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:9:ASP:CB	1:A:38:GLU:HB3	0.52	2.35	7	7
1:A:23:LYS:CG	1:A:25:TRP:CZ3	0.52	2.93	1	3
1:A:23:LYS:HG2	1:A:25:TRP:CZ3	0.52	2.40	11	3
1:A:9:ASP:HB3	1:A:39:PHE:CE2	0.52	2.39	3	1
1:A:22:VAL:HG12	1:A:62:CYS:SG	0.52	2.45	8	5
1:A:6:ASN:OD1	1:A:39:PHE:CZ	0.51	2.63	11	1
1:A:57:CYS:O	1:A:58:SER:CB	0.51	2.58	3	1
1:A:21:TYR:CE1	1:A:23:LYS:HG3	0.51	2.40	17	8
1:A:49:ASN:O	1:A:49:ASN:ND2	0.51	2.43	22	1
1:A:13:CYS:N	1:A:14:PRO:HD3	0.51	2.21	16	4
1:A:31:SER:O	1:A:31:SER:OG	0.51	2.28	10	3
1:A:21:TYR:HB3	1:A:42:ALA:HB2	0.51	1.82	4	2
1:A:23:LYS:HG2	1:A:54:ILE:CD1	0.51	2.35	7	6
1:A:8:HIS:HB3	1:A:37:LEU:O	0.51	2.05	19	7
1:A:7:PRO:C	1:A:8:HIS:CD2	0.51	2.89	14	2
1:A:35:LYS:HB2	1:A:37:LEU:HD22	0.51	1.82	13	3
1:A:5:LEU:C	1:A:7:PRO:HD3	0.51	2.30	3	5
1:A:24:SER:CA	1:A:37:LEU:HG	0.51	2.36	8	14
1:A:11:GLN:CD	1:A:40:GLY:CA	0.51	2.83	3	1
1:A:48:VAL:CG1	1:A:50:THR:OG1	0.51	2.59	8	2
1:A:2:GLU:OE1	1:A:18:GLU:CA	0.51	2.59	18	1
1:A:9:ASP:HB3	1:A:38:GLU:CB	0.51	2.36	10	6
1:A:50:THR:O	1:A:50:THR:CG2	0.51	2.57	13	6
1:A:11:GLN:O	1:A:12:THR:C	0.51	2.53	5	11
1:A:22:VAL:CA	1:A:39:PHE:CD1	0.51	2.93	3	10
1:A:8:HIS:ND1	1:A:37:LEU:CB	0.51	2.74	11	5
1:A:8:HIS:C	1:A:9:ASP:CG	0.50	2.79	15	4
1:A:8:HIS:HB2	1:A:37:LEU:O	0.50	2.06	11	3
1:A:23:LYS:HD2	1:A:52:THR:HG21	0.50	1.82	17	2
1:A:35:LYS:CB	1:A:37:LEU:HD22	0.50	2.36	14	1
1:A:9:ASP:HB2	1:A:39:PHE:CE2	0.50	2.40	18	1
1:A:25:TRP:CZ2	1:A:36:VAL:HB	0.50	2.40	2	9
1:A:23:LYS:HB2	1:A:52:THR:HG21	0.50	1.82	6	1
1:A:1:ARG:CG	1:A:12:THR:HB	0.50	2.36	13	15
1:A:5:LEU:O	1:A:10:THR:OG1	0.50	2.29	21	6
1:A:1:ARG:HB2	1:A:12:THR:CB	0.50	2.37	13	1
1:A:22:VAL:CG2	1:A:55:LYS:HB2	0.50	2.36	17	18
1:A:54:ILE:CG2	1:A:55:LYS:N	0.50	2.74	6	2
1:A:23:LYS:HG2	1:A:25:TRP:CE3	0.50	2.42	16	7
1:A:17:GLN:CB	1:A:42:ALA:O	0.50	2.60	2	2
1:A:25:TRP:CE3	1:A:25:TRP:N	0.50	2.80	16	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:37:LEU:N	1:A:37:LEU:HD13	0.50	2.22	10	5
1:A:6:ASN:CB	1:A:10:THR:HG23	0.50	2.36	12	3
1:A:4:TYR:OH	1:A:59:ALA:CA	0.50	2.60	7	1
1:A:13:CYS:O	1:A:17:GLN:HB3	0.50	2.07	13	1
1:A:17:GLN:O	1:A:17:GLN:CG	0.50	2.60	14	1
1:A:11:GLN:O	1:A:12:THR:O	0.49	2.30	10	12
1:A:24:SER:HB2	1:A:53:GLU:CG	0.49	2.37	20	2
1:A:4:TYR:CE2	1:A:5:LEU:CD1	0.49	2.95	12	1
1:A:23:LYS:HG2	1:A:54:ILE:CG1	0.49	2.37	12	2
1:A:35:LYS:HB3	1:A:37:LEU:HD22	0.49	1.83	14	1
1:A:11:GLN:HB3	1:A:40:GLY:CA	0.49	2.36	1	2
1:A:4:TYR:HB3	1:A:12:THR:CG2	0.49	2.36	4	1
1:A:63:ASN:C	1:A:64:THR:OG1	0.49	2.55	6	9
1:A:25:TRP:CE2	1:A:36:VAL:HB	0.49	2.43	11	12
1:A:5:LEU:O	1:A:6:ASN:CG	0.49	2.56	20	2
1:A:8:HIS:O	1:A:9:ASP:C	0.49	2.54	10	1
1:A:6:ASN:O	1:A:10:THR:OG1	0.49	2.30	4	2
1:A:15:SER:O	1:A:16:GLY:C	0.49	2.54	13	3
1:A:21:TYR:CE2	1:A:40:GLY:HA3	0.49	2.43	11	1
1:A:8:HIS:ND1	1:A:37:LEU:O	0.49	2.45	19	4
1:A:26:CYS:SG	1:A:35:LYS:CG	0.49	3.01	17	1
1:A:34:GLY:O	1:A:35:LYS:C	0.49	2.56	11	21
1:A:9:ASP:CG	1:A:37:LEU:O	0.49	2.55	3	1
1:A:46:PRO:HG2	1:A:54:ILE:CD1	0.49	2.37	18	4
1:A:22:VAL:HG21	1:A:55:LYS:HD2	0.49	1.83	2	1
1:A:4:TYR:CD2	1:A:5:LEU:HG	0.49	2.43	12	1
1:A:17:GLN:N	1:A:17:GLN:OE1	0.49	2.46	19	1
1:A:39:PHE:CD2	1:A:62:CYS:CB	0.49	2.96	1	2
1:A:55:LYS:HG3	1:A:56:CYS:N	0.49	2.23	1	1
1:A:21:TYR:CE1	1:A:23:LYS:CG	0.49	2.95	7	3
1:A:50:THR:CG2	1:A:51:GLY:N	0.49	2.70	5	4
1:A:23:LYS:HE2	1:A:25:TRP:CZ3	0.49	2.42	8	1
1:A:23:LYS:CE	1:A:52:THR:HG21	0.49	2.38	11	2
1:A:7:PRO:HG2	1:A:8:HIS:CD2	0.49	2.43	12	1
1:A:12:THR:C	1:A:14:PRO:HD3	0.48	2.32	6	7
1:A:41:CYS:O	1:A:42:ALA:CB	0.48	2.61	18	3
1:A:21:TYR:CE1	1:A:23:LYS:HE3	0.48	2.43	20	2
1:A:13:CYS:SG	1:A:13:CYS:O	0.48	2.71	2	6
1:A:5:LEU:HD13	1:A:60:ASP:HA	0.48	1.84	13	1
1:A:9:ASP:OD1	1:A:37:LEU:C	0.48	2.57	3	1
1:A:5:LEU:C	1:A:6:ASN:O	0.48	2.56	7	10

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:LYS:CG	1:A:54:ILE:HG13	0.48	2.38	20	6
1:A:3:CYS:O	1:A:6:ASN:OD1	0.48	2.31	9	1
1:A:2:GLU:O	1:A:3:CYS:SG	0.48	2.72	4	13
1:A:24:SER:O	1:A:53:GLU:CD	0.48	2.57	12	2
1:A:2:GLU:HA	1:A:4:TYR:CZ	0.48	2.44	13	2
1:A:6:ASN:HB2	1:A:7:PRO:CD	0.48	2.39	16	7
1:A:24:SER:HA	1:A:37:LEU:HG	0.48	1.86	10	11
1:A:63:ASN:ND2	1:A:64:THR:N	0.48	2.60	15	1
1:A:20:CYS:CB	1:A:57:CYS:O	0.48	2.62	16	1
1:A:48:VAL:O	1:A:49:ASN:O	0.48	2.32	5	3
1:A:6:ASN:HB2	1:A:39:PHE:CD2	0.48	2.44	13	2
1:A:2:GLU:O	1:A:20:CYS:SG	0.48	2.72	18	5
1:A:10:THR:HG22	1:A:11:GLN:H	0.48	1.67	15	1
1:A:9:ASP:HB3	1:A:37:LEU:O	0.47	2.09	2	3
1:A:10:THR:C	1:A:39:PHE:O	0.47	2.57	1	1
1:A:20:CYS:SG	1:A:40:GLY:O	0.47	2.73	4	19
1:A:22:VAL:HB	1:A:39:PHE:CE1	0.47	2.44	12	7
1:A:49:ASN:CG	1:A:49:ASN:O	0.47	2.57	11	3
1:A:63:ASN:O	1:A:64:THR:C	0.47	2.56	13	1
1:A:23:LYS:HE2	1:A:54:ILE:HD11	0.47	1.85	20	1
1:A:24:SER:CB	1:A:37:LEU:HG	0.47	2.40	2	13
1:A:8:HIS:ND1	1:A:37:LEU:HB3	0.47	2.25	10	2
1:A:7:PRO:HG3	1:A:39:PHE:CE1	0.47	2.44	6	1
1:A:46:PRO:HG2	1:A:54:ILE:HD13	0.47	1.86	18	4
1:A:18:GLU:O	1:A:18:GLU:OE1	0.47	2.33	11	1
1:A:3:CYS:O	1:A:4:TYR:CG	0.47	2.67	12	2
1:A:13:CYS:N	1:A:14:PRO:CD	0.47	2.78	16	3
1:A:8:HIS:O	1:A:9:ASP:HB2	0.47	2.09	6	5
1:A:8:HIS:CE1	1:A:37:LEU:CD2	0.47	2.96	10	1
1:A:6:ASN:O	1:A:6:ASN:OD1	0.47	2.32	21	3
1:A:21:TYR:CE2	1:A:23:LYS:HG2	0.47	2.44	2	1
1:A:4:TYR:O	1:A:5:LEU:CG	0.47	2.62	13	3
1:A:11:GLN:HB2	1:A:40:GLY:CA	0.47	2.39	1	1
1:A:9:ASP:HA	1:A:38:GLU:HA	0.47	1.87	2	2
1:A:9:ASP:HA	1:A:37:LEU:O	0.47	2.10	21	3
1:A:11:GLN:OE1	1:A:39:PHE:O	0.47	2.33	3	1
1:A:7:PRO:HD3	1:A:39:PHE:CD2	0.47	2.45	6	1
1:A:24:SER:O	1:A:53:GLU:HG3	0.47	2.09	13	2
1:A:61:LYS:O	1:A:63:ASN:N	0.47	2.48	17	1
1:A:2:GLU:CD	1:A:58:SER:O	0.47	2.58	7	1
1:A:3:CYS:C	1:A:5:LEU:N	0.47	2.73	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:13:CYS:SG	1:A:17:GLN:C	0.47	2.98	1	2
1:A:26:CYS:SG	1:A:27:ASN:O	0.47	2.73	18	4
1:A:10:THR:O	1:A:11:GLN:CB	0.47	2.63	16	1
1:A:21:TYR:HB2	1:A:46:PRO:HG3	0.46	1.86	6	4
1:A:61:LYS:O	1:A:62:CYS:C	0.46	2.55	17	2
1:A:8:HIS:O	1:A:9:ASP:O	0.46	2.33	9	2
1:A:11:GLN:O	1:A:12:THR:CB	0.46	2.62	20	1
1:A:49:ASN:O	1:A:49:ASN:CG	0.46	2.58	20	2
1:A:22:VAL:CG2	1:A:55:LYS:HB3	0.46	2.40	1	3
1:A:38:GLU:O	1:A:39:PHE:CD1	0.46	2.68	15	3
1:A:34:GLY:O	1:A:35:LYS:O	0.46	2.33	10	4
1:A:13:CYS:O	1:A:13:CYS:SG	0.46	2.74	21	6
1:A:23:LYS:HB3	1:A:25:TRP:CZ3	0.46	2.45	5	6
1:A:63:ASN:O	1:A:63:ASN:ND2	0.46	2.48	10	1
1:A:24:SER:OG	1:A:53:GLU:CD	0.46	2.59	14	1
1:A:5:LEU:O	1:A:10:THR:HB	0.46	2.10	15	1
1:A:9:ASP:HB3	1:A:38:GLU:HA	0.46	1.88	15	1
1:A:23:LYS:HE2	1:A:54:ILE:HD12	0.46	1.85	15	1
1:A:8:HIS:O	1:A:9:ASP:HB3	0.46	2.11	2	2
1:A:20:CYS:HA	1:A:40:GLY:O	0.46	2.11	12	4
1:A:53:GLU:O	1:A:53:GLU:HG3	0.46	2.11	7	2
1:A:46:PRO:HG2	1:A:54:ILE:HG23	0.46	1.87	9	1
1:A:49:ASN:O	1:A:49:ASN:OD1	0.46	2.33	20	1
1:A:3:CYS:SG	1:A:40:GLY:O	0.46	2.74	9	2
1:A:9:ASP:O	1:A:10:THR:HG23	0.46	2.10	10	2
1:A:5:LEU:CD1	1:A:59:ALA:C	0.46	2.89	11	1
1:A:21:TYR:CE1	1:A:40:GLY:CA	0.46	2.98	16	1
1:A:50:THR:C	1:A:52:THR:N	0.46	2.72	20	12
1:A:8:HIS:O	1:A:9:ASP:OD2	0.46	2.34	3	2
1:A:25:TRP:CH2	1:A:38:GLU:OE2	0.46	2.69	12	2
1:A:2:GLU:OE2	1:A:13:CYS:O	0.46	2.34	20	1
1:A:39:PHE:CD2	1:A:62:CYS:SG	0.46	3.08	18	3
1:A:50:THR:O	1:A:52:THR:N	0.46	2.48	10	6
1:A:17:GLN:HB2	1:A:42:ALA:O	0.46	2.11	2	3
1:A:6:ASN:ND2	1:A:8:HIS:HB2	0.46	2.26	11	2
1:A:1:ARG:HA	1:A:13:CYS:C	0.46	2.36	12	4
1:A:13:CYS:O	1:A:17:GLN:CB	0.46	2.64	13	1
1:A:5:LEU:C	1:A:7:PRO:HD2	0.46	2.35	15	1
1:A:60:ASP:O	1:A:60:ASP:OD2	0.46	2.33	21	3
1:A:22:VAL:CG1	1:A:62:CYS:HB3	0.46	2.41	17	1
1:A:17:GLN:OE1	1:A:43:ALA:CB	0.46	2.60	1	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:4:TYR:OH	1:A:59:ALA:HB1	0.46	2.10	5	2
1:A:6:ASN:OD1	1:A:8:HIS:O	0.46	2.33	12	1
1:A:11:GLN:NE2	1:A:40:GLY:HA3	0.45	2.26	3	1
1:A:2:GLU:HG2	1:A:58:SER:O	0.45	2.11	4	2
1:A:23:LYS:HG3	1:A:38:GLU:O	0.45	2.11	6	1
1:A:60:ASP:O	1:A:60:ASP:OD1	0.45	2.34	22	4
1:A:63:ASN:OD1	1:A:63:ASN:O	0.45	2.34	7	2
1:A:30:CYS:HB2	1:A:35:LYS:CG	0.45	2.42	18	2
1:A:17:GLN:HG3	1:A:43:ALA:HB2	0.45	1.88	12	1
1:A:24:SER:O	1:A:53:GLU:OE1	0.45	2.34	14	1
1:A:27:ASN:O	1:A:30:CYS:SG	0.45	2.75	20	1
1:A:11:GLN:O	1:A:11:GLN:HG2	0.45	2.11	12	4
1:A:6:ASN:OD1	1:A:7:PRO:CD	0.45	2.65	5	2
1:A:4:TYR:O	1:A:10:THR:HB	0.45	2.11	22	5
1:A:21:TYR:CE1	1:A:23:LYS:HD3	0.45	2.46	7	1
1:A:25:TRP:CZ2	1:A:38:GLU:OE2	0.45	2.70	12	1
1:A:24:SER:HA	1:A:37:LEU:CD1	0.45	2.41	14	1
1:A:54:ILE:C	1:A:55:LYS:HG3	0.45	2.37	16	2
1:A:49:ASN:OD1	1:A:52:THR:O	0.45	2.33	22	4
1:A:23:LYS:HG2	1:A:54:ILE:HD12	0.45	1.89	12	1
1:A:11:GLN:O	1:A:12:THR:OG1	0.45	2.28	20	3
1:A:54:ILE:O	1:A:55:LYS:HG3	0.45	2.11	9	3
1:A:27:ASN:OD1	1:A:30:CYS:N	0.45	2.49	19	1
1:A:2:GLU:OE2	1:A:4:TYR:OH	0.45	2.35	21	1
1:A:25:TRP:O	1:A:25:TRP:CG	0.45	2.69	4	4
1:A:48:VAL:CG2	1:A:52:THR:O	0.45	2.63	3	1
1:A:23:LYS:HB2	1:A:52:THR:CG2	0.45	2.42	6	1
1:A:1:ARG:CD	1:A:12:THR:HB	0.45	2.42	12	1
1:A:2:GLU:CD	1:A:18:GLU:O	0.45	2.60	23	1
1:A:23:LYS:HD2	1:A:25:TRP:CH2	0.45	2.46	2	1
1:A:9:ASP:OD1	1:A:39:PHE:CZ	0.45	2.70	3	1
1:A:23:LYS:CG	1:A:38:GLU:O	0.45	2.65	6	1
1:A:11:GLN:C	1:A:12:THR:CG2	0.45	2.89	9	2
1:A:21:TYR:CD1	1:A:54:ILE:HD11	0.45	2.46	10	2
1:A:24:SER:HB3	1:A:53:GLU:CG	0.45	2.42	14	1
1:A:9:ASP:HB2	1:A:38:GLU:HB3	0.44	1.89	7	3
1:A:48:VAL:CG1	1:A:50:THR:CG2	0.44	2.84	13	1
1:A:9:ASP:CB	1:A:38:GLU:HA	0.44	2.43	15	1
1:A:23:LYS:CE	1:A:54:ILE:HD12	0.44	2.41	15	1
1:A:13:CYS:SG	1:A:17:GLN:HB3	0.44	2.53	13	1
1:A:19:ILE:HD12	1:A:43:ALA:O	0.44	2.13	18	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:CYS:SG	1:A:58:SER:N	0.44	2.91	17	1
1:A:2:GLU:OE1	1:A:18:GLU:HA	0.44	2.11	18	1
1:A:11:GLN:HB3	1:A:39:PHE:O	0.44	2.12	2	2
1:A:4:TYR:CB	1:A:12:THR:HG22	0.44	2.41	4	1
1:A:6:ASN:ND2	1:A:39:PHE:HB2	0.44	2.28	6	1
1:A:13:CYS:SG	1:A:17:GLN:O	0.44	2.75	12	1
1:A:1:ARG:HD3	1:A:4:TYR:CE2	0.44	2.47	21	1
1:A:1:ARG:HD3	1:A:4:TYR:CD2	0.44	2.47	21	1
1:A:61:LYS:O	1:A:61:LYS:HG2	0.44	2.12	7	7
1:A:3:CYS:HB3	1:A:10:THR:CG2	0.44	2.41	3	1
1:A:21:TYR:OH	1:A:23:LYS:HD2	0.44	2.13	8	1
1:A:5:LEU:O	1:A:10:THR:CB	0.44	2.66	3	1
1:A:6:ASN:CG	1:A:39:PHE:CD2	0.44	2.96	19	1
1:A:2:GLU:OE2	1:A:58:SER:O	0.44	2.35	8	2
1:A:24:SER:OG	1:A:53:GLU:O	0.44	2.33	9	1
1:A:21:TYR:CE2	1:A:40:GLY:CA	0.44	3.01	11	1
1:A:53:GLU:O	1:A:53:GLU:HG2	0.44	2.11	12	3
1:A:1:ARG:NH1	1:A:12:THR:HG21	0.44	2.28	3	1
1:A:4:TYR:OH	1:A:59:ALA:HA	0.44	2.13	7	2
1:A:10:THR:HG22	1:A:11:GLN:N	0.44	2.28	15	1
1:A:9:ASP:CA	1:A:38:GLU:HA	0.43	2.42	2	1
1:A:21:TYR:HB3	1:A:42:ALA:CB	0.43	2.42	4	2
1:A:7:PRO:HB2	1:A:8:HIS:ND1	0.43	2.28	6	1
1:A:9:ASP:HB3	1:A:38:GLU:HB3	0.43	1.89	8	2
1:A:53:GLU:O	1:A:53:GLU:CG	0.43	2.66	10	1
1:A:48:VAL:O	1:A:48:VAL:CG1	0.43	2.63	23	1
1:A:23:LYS:HG3	1:A:54:ILE:CG1	0.43	2.44	7	1
1:A:37:LEU:N	1:A:37:LEU:HD12	0.43	2.27	19	2
1:A:22:VAL:O	1:A:54:ILE:HA	0.43	2.14	12	4
1:A:15:SER:O	1:A:18:GLU:HG2	0.43	2.14	14	1
1:A:9:ASP:CB	1:A:39:PHE:CE2	0.43	3.02	18	1
1:A:63:ASN:O	1:A:64:THR:O	0.43	2.36	22	1
1:A:43:ALA:C	1:A:44:THR:CG2	0.43	2.91	7	2
1:A:19:ILE:HG13	1:A:43:ALA:O	0.43	2.13	11	22
1:A:63:ASN:CG	1:A:64:THR:N	0.43	2.77	9	2
1:A:2:GLU:HG3	1:A:58:SER:O	0.43	2.13	11	1
1:A:8:HIS:NE2	1:A:9:ASP:OD2	0.43	2.51	21	1
1:A:2:GLU:O	1:A:12:THR:HA	0.43	2.13	15	4
1:A:7:PRO:HG3	1:A:39:PHE:CZ	0.43	2.49	6	1
1:A:46:PRO:C	1:A:54:ILE:CG2	0.43	2.91	10	1
1:A:9:ASP:O	1:A:10:THR:O	0.43	2.37	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:18:GLU:C	1:A:19:ILE:HG12	0.43	2.39	13	1
1:A:4:TYR:O	1:A:5:LEU:CD2	0.43	2.62	14	1
1:A:24:SER:CB	1:A:53:GLU:CG	0.43	2.97	20	1
1:A:13:CYS:SG	1:A:17:GLN:HB2	0.43	2.53	1	1
1:A:21:TYR:HB2	1:A:46:PRO:CG	0.43	2.44	10	1
1:A:46:PRO:CG	1:A:54:ILE:CD1	0.43	2.97	10	2
1:A:17:GLN:NE2	1:A:17:GLN:HA	0.43	2.29	15	1
1:A:26:CYS:SG	1:A:35:LYS:CB	0.43	3.06	17	1
1:A:11:GLN:CD	1:A:40:GLY:HA2	0.43	2.39	21	2
1:A:21:TYR:O	1:A:39:PHE:HB3	0.43	2.13	18	3
1:A:23:LYS:HE2	1:A:25:TRP:CE3	0.43	2.49	11	1
1:A:21:TYR:HD2	1:A:42:ALA:HB2	0.43	1.73	19	1
1:A:22:VAL:CB	1:A:39:PHE:CD1	0.43	3.02	3	4
1:A:9:ASP:CB	1:A:38:GLU:HB2	0.43	2.44	14	2
1:A:23:LYS:CD	1:A:54:ILE:HG13	0.43	2.44	17	1
1:A:17:GLN:HB2	1:A:41:CYS:SG	0.43	2.53	1	1
1:A:3:CYS:O	1:A:5:LEU:CG	0.43	2.67	11	1
1:A:1:ARG:N	1:A:1:ARG:HD2	0.43	2.29	21	2
1:A:46:PRO:O	1:A:54:ILE:HG21	0.43	2.14	20	1
1:A:19:ILE:O	1:A:41:CYS:HA	0.42	2.14	15	6
1:A:23:LYS:HG2	1:A:54:ILE:HG13	0.42	1.91	9	2
1:A:24:SER:O	1:A:53:GLU:HG2	0.42	2.14	20	4
1:A:17:GLN:CB	1:A:41:CYS:SG	0.42	3.07	1	1
1:A:60:ASP:O	1:A:60:ASP:CG	0.42	2.62	1	3
1:A:61:LYS:HE2	1:A:64:THR:HG21	0.42	1.91	3	1
1:A:20:CYS:HB3	1:A:57:CYS:O	0.42	2.14	14	4
1:A:46:PRO:CB	1:A:54:ILE:HG21	0.42	2.44	10	1
1:A:63:ASN:OD1	1:A:63:ASN:C	0.42	2.62	16	1
1:A:61:LYS:C	1:A:63:ASN:N	0.42	2.74	17	1
1:A:9:ASP:OD1	1:A:39:PHE:CE2	0.42	2.72	2	1
1:A:6:ASN:OD1	1:A:7:PRO:HD2	0.42	2.14	13	3
1:A:24:SER:HA	1:A:37:LEU:HD12	0.42	1.91	14	1
1:A:2:GLU:OE1	1:A:18:GLU:O	0.42	2.37	23	1
1:A:11:GLN:CB	1:A:40:GLY:HA3	0.42	2.44	1	1
1:A:19:ILE:HB	1:A:42:ALA:O	0.42	2.14	6	8
1:A:3:CYS:N	1:A:4:TYR:CD1	0.42	2.87	17	2
1:A:23:LYS:HG3	1:A:54:ILE:HG13	0.42	1.89	7	1
1:A:1:ARG:O	1:A:1:ARG:HD2	0.42	2.15	1	1
1:A:4:TYR:O	1:A:5:LEU:CD1	0.42	2.68	4	1
1:A:4:TYR:N	1:A:12:THR:HG22	0.42	2.24	6	2
1:A:33:ARG:NH1	1:A:33:ARG:HG3	0.42	2.28	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:45:CYS:SG	1:A:46:PRO:HD2	0.42	2.55	9	2
1:A:1:ARG:HA	1:A:13:CYS:O	0.42	2.14	13	1
1:A:35:LYS:HB3	1:A:37:LEU:CD2	0.42	2.45	14	1
1:A:26:CYS:SG	1:A:35:LYS:HG2	0.42	2.55	17	1
1:A:2:GLU:C	1:A:20:CYS:SG	0.42	3.03	1	1
1:A:10:THR:HA	1:A:39:PHE:O	0.42	2.15	1	1
1:A:18:GLU:N	1:A:18:GLU:OE1	0.42	2.52	16	1
1:A:22:VAL:CG2	1:A:55:LYS:CG	0.42	2.97	1	1
1:A:8:HIS:O	1:A:38:GLU:HA	0.42	2.14	4	2
1:A:63:ASN:C	1:A:64:THR:HG1	0.42	2.22	6	4
1:A:19:ILE:HG13	1:A:43:ALA:CA	0.42	2.44	14	1
1:A:46:PRO:C	1:A:54:ILE:HG21	0.42	2.40	10	1
1:A:3:CYS:HB2	1:A:11:GLN:O	0.41	2.15	15	1
1:A:4:TYR:HA	1:A:12:THR:HG23	0.41	1.92	16	1
1:A:11:GLN:O	1:A:12:THR:CG2	0.41	2.68	20	1
1:A:55:LYS:HD2	1:A:62:CYS:O	0.41	2.14	2	1
1:A:9:ASP:HB3	1:A:38:GLU:HB2	0.41	1.91	9	4
1:A:23:LYS:CG	1:A:54:ILE:CG1	0.41	2.98	12	2
1:A:7:PRO:O	1:A:8:HIS:HB3	0.41	2.14	14	2
1:A:3:CYS:O	1:A:5:LEU:HG	0.41	2.15	11	2
1:A:26:CYS:SG	1:A:35:LYS:HG3	0.41	2.56	20	1
1:A:1:ARG:HG3	1:A:12:THR:HB	0.41	1.91	3	1
1:A:1:ARG:HD2	1:A:1:ARG:O	0.41	2.15	21	1
1:A:47:SER:O	1:A:54:ILE:HB	0.41	2.15	7	3
1:A:24:SER:O	1:A:53:GLU:HB2	0.41	2.16	9	1
1:A:22:VAL:HG23	1:A:55:LYS:HG3	0.41	1.90	14	1
1:A:9:ASP:HB3	1:A:38:GLU:CA	0.41	2.44	15	1
1:A:1:ARG:CB	1:A:12:THR:HB	0.41	2.46	12	2
1:A:4:TYR:C	1:A:5:LEU:CG	0.41	2.94	14	1
1:A:2:GLU:HA	1:A:4:TYR:CE2	0.41	2.50	15	2
1:A:24:SER:O	1:A:53:GLU:OE2	0.41	2.38	22	1
1:A:53:GLU:HG3	1:A:53:GLU:O	0.41	2.16	13	1
1:A:2:GLU:HB2	1:A:58:SER:O	0.41	2.15	23	1
1:A:11:GLN:HB3	1:A:40:GLY:HA2	0.41	1.92	12	1
1:A:5:LEU:HD12	1:A:59:ALA:O	0.41	2.14	13	1
1:A:12:THR:O	1:A:14:PRO:HD3	0.41	2.16	13	1
1:A:3:CYS:N	1:A:4:TYR:CE1	0.41	2.89	14	2
1:A:4:TYR:CA	1:A:12:THR:HG22	0.41	2.39	20	1
1:A:23:LYS:HB2	1:A:25:TRP:CZ3	0.41	2.52	2	1
1:A:3:CYS:C	1:A:10:THR:HG22	0.41	2.37	8	1
1:A:24:SER:O	1:A:53:GLU:CB	0.41	2.69	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:1:ARG:HG2	1:A:12:THR:HB	0.41	1.93	15	1
1:A:22:VAL:CG2	1:A:55:LYS:CB	0.40	2.99	1	1
1:A:3:CYS:C	1:A:4:TYR:CD2	0.40	2.99	3	1
1:A:6:ASN:HD22	1:A:7:PRO:HD3	0.40	1.76	6	1
1:A:21:TYR:CE1	1:A:40:GLY:N	0.40	2.90	8	1
1:A:1:ARG:HB2	1:A:12:THR:HB	0.40	1.93	12	2
1:A:57:CYS:O	1:A:58:SER:HB2	0.40	2.15	17	1
1:A:1:ARG:HG2	1:A:4:TYR:CD2	0.40	2.51	21	1
1:A:25:TRP:N	1:A:37:LEU:CD1	0.40	2.84	2	1
1:A:25:TRP:N	1:A:37:LEU:HD11	0.40	2.31	2	1
1:A:46:PRO:O	1:A:54:ILE:HG23	0.40	2.16	8	1
1:A:17:GLN:HG3	1:A:43:ALA:CB	0.40	2.46	12	1
1:A:1:ARG:HB3	1:A:14:PRO:CA	0.40	2.46	13	1
1:A:19:ILE:HB	1:A:42:ALA:C	0.40	2.41	14	1
1:A:17:GLN:OE1	1:A:42:ALA:C	0.40	2.64	17	1
1:A:11:GLN:HG2	1:A:39:PHE:O	0.40	2.17	18	1
1:A:17:GLN:HB3	1:A:42:ALA:O	0.40	2.16	19	1
1:A:1:ARG:O	1:A:4:TYR:OH	0.40	2.39	23	1
1:A:2:GLU:HB2	1:A:20:CYS:SG	0.40	2.57	1	1
1:A:1:ARG:HG2	1:A:12:THR:CG2	0.40	2.47	5	1
1:A:23:LYS:HE2	1:A:52:THR:HG21	0.40	1.92	7	1
1:A:54:ILE:O	1:A:55:LYS:HG2	0.40	2.16	8	2
1:A:19:ILE:HG13	1:A:43:ALA:C	0.40	2.42	14	1
1:A:5:LEU:HA	1:A:10:THR:HG21	0.40	1.92	17	1
1:A:23:LYS:HD2	1:A:52:THR:CG2	0.40	2.45	17	1

6.3 Torsion angles ⓘ

6.3.1 Protein backbone ⓘ

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all PDB entries followed by that with respect to all 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	63/66 (95%)	36±2 (58±4%)	18±3 (29±4%)	8±2 (13±3%)	0	6
All	All	1449/1518 (95%)	837 (58%)	423 (29%)	189 (13%)	0	6

All 25 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	31	SER	23
1	A	59	ALA	21
1	A	4	TYR	20
1	A	12	THR	15
1	A	6	ASN	13
1	A	11	GLN	13
1	A	14	PRO	11
1	A	50	THR	9
1	A	9	ASP	7
1	A	8	HIS	7
1	A	35	LYS	6
1	A	32	SER	6
1	A	49	ASN	5
1	A	17	GLN	5
1	A	34	GLY	5
1	A	10	THR	5
1	A	42	ALA	3
1	A	64	THR	3
1	A	58	SER	2
1	A	60	ASP	2
1	A	16	GLY	2
1	A	3	CYS	2
1	A	30	CYS	2
1	A	5	LEU	1
1	A	7	PRO	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	56/58 (97%)	39±3 (69±5%)	17±3 (31±5%)	1	15
All	All	1288/1334 (97%)	893 (69%)	395 (31%)	1	15

All 39 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	19	ILE	23

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	36	VAL	23
1	A	64	THR	23
1	A	10	THR	22
1	A	56	CYS	21
1	A	4	TYR	20
1	A	32	SER	17
1	A	1	ARG	16
1	A	38	GLU	15
1	A	55	LYS	15
1	A	54	ILE	14
1	A	26	CYS	13
1	A	35	LYS	13
1	A	53	GLU	13
1	A	6	ASN	12
1	A	24	SER	11
1	A	8	HIS	10
1	A	27	ASN	9
1	A	37	LEU	9
1	A	15	SER	8
1	A	58	SER	8
1	A	33	ARG	8
1	A	2	GLU	8
1	A	61	LYS	7
1	A	50	THR	7
1	A	47	SER	6
1	A	9	ASP	6
1	A	17	GLN	6
1	A	23	LYS	5
1	A	5	LEU	4
1	A	18	GLU	4
1	A	11	GLN	4
1	A	31	SER	4
1	A	20	CYS	3
1	A	21	TYR	3
1	A	44	THR	2
1	A	52	THR	1
1	A	30	CYS	1
1	A	22	VAL	1

6.3.3 RNA ⓘ

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 [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided