



Full wwPDB X-ray Structure Validation Report ⓘ

Mar 15, 2026 – 12:44 PM UTC

PDB ID : 4MGU / pdb_00004mgu
Title : Crystal structure of Acheta domesticus Densovirus
Authors : Meng, G.; Rossmann, M.G.
Deposited on : 2013-08-28
Resolution : 3.50 Å(reported)

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

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

A user guide is available at

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

with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

The types of validation reports are described at

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

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

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

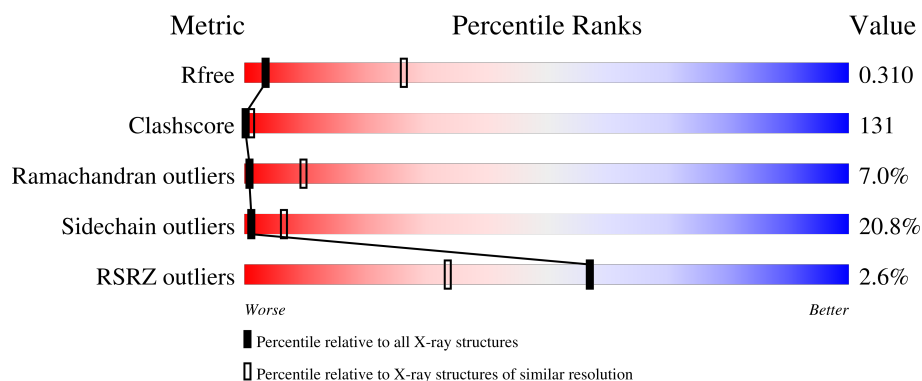
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

X-RAY DIFFRACTION

The reported resolution of this entry is 3.50 Å.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	Similar resolution (#Entries, resolution range(Å))
R_{free}	180053	1085 (3.54-3.46)
Clashscore	190562	1140 (3.54-3.46)
Ramachandran outliers	187476	1113 (3.54-3.46)
Sidechain outliers	187428	1114 (3.54-3.46)
RSRZ outliers	180081	1084 (3.54-3.46)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the electron density. The red, orange, yellow and green segments of the lower bar indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 3 , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria respectively. A grey segment represents the fraction of residues that are not modelled. The numeric value for each fraction is indicated below the corresponding segment, with a dot representing fractions $\leq 5\%$. The upper red bar (where present) indicates the fraction of residues that have poor fit to the electron density. The numeric value is given above the bar.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	428	
2	C	3	

2 Entry composition

There are 2 unique types of molecules in this entry. The entry contains 3005 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

In the tables below, the ZeroOcc column contains the number of atoms modelled with zero occupancy, the AltConf column contains the number of residues with at least one atom in alternate conformation and the Trace column contains the number of residues modelled with at most 2 atoms.

- Molecule 1 is a protein called Structural protein VP2.

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
1	A	379	Total	C	N	O	S	0	0	0
			2946	1872	508	557	9			

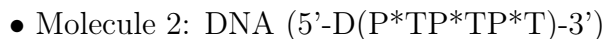
There are 7 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	148	VAL	ILE	conflict	UNP F2Y986
A	283	ALA	THR	conflict	UNP F2Y986
A	?	-	ILE	deletion	UNP F2Y986
A	306	THR	LYS	conflict	UNP F2Y986
A	308	LYS	ASN	conflict	UNP F2Y986
A	340	ARG	LYS	conflict	UNP F2Y986
A	413	GLN	GLU	conflict	UNP F2Y986

- Molecule 2 is a DNA chain called DNA (5'-D(P*TP*TP*T)-3').

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
2	C	3	Total	C	N	O	P	0	0	0
			59	29	6	21	3			

- Molecule 1: Structural protein VP2



4 Data and refinement statistics

Property	Value	Source
Space group	P 42 21 2	Depositor
Cell constants a, b, c, α , β , γ	415.47Å 415.47Å 281.93Å 90.00° 90.00° 90.00°	Depositor
Resolution (Å)	40.00 – 3.50 40.00 – 3.50	Depositor EDS
% Data completeness (in resolution range)	(Not available) (40.00-3.50) 33.8 (40.00-3.50)	Depositor EDS
R_{merge}	(Not available)	Depositor
R_{sym}	(Not available)	Depositor
$\langle I/\sigma(I) \rangle$ ¹	2.08 (at 3.51Å)	Xtriage
Refinement program	CNS	Depositor
R, R_{free}	0.290 , 0.290 0.305 , 0.310	Depositor DCC
R_{free} test set	10250 reflections (9.91%)	wwPDB-VP
Wilson B-factor (Å ²)	60.8	Xtriage
Anisotropy	0.266	Xtriage
Bulk solvent k_{sol} (e/Å ³), B_{sol} (Å ²)	0.17 , 0.0	EDS
L-test for twinning ²	$\langle L \rangle = 0.33$, $\langle L^2 \rangle = 0.16$	Xtriage
Estimated twinning fraction	No twinning to report.	Xtriage
F_o, F_c correlation	0.22	EDS
Total number of atoms	3005	wwPDB-VP
Average B, all atoms (Å ²)	57.0	wwPDB-VP

Xtriage's analysis on translational NCS is as follows: *The largest off-origin peak in the Patterson function is 2.93% of the height of the origin peak. No significant pseudotranslation is detected.*

¹Intensities estimated from amplitudes.

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

5 Model quality

5.1 Standard geometry

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	$\# Z > 5$	RMSZ	$\# Z > 5$
1	A	0.87	12/3018 (0.4%)	1.88	127/4127 (3.1%)
2	C	0.51	0/64	1.24	1/96 (1.0%)
All	All	0.87	12/3082 (0.4%)	1.86	128/4223 (3.0%)

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 outliers	#Planarity outliers
1	A	0	2

All (12) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	359	ASN	C-O	-11.54	1.10	1.23
1	A	359	ASN	C-N	-6.94	1.25	1.33
1	A	151	ARG	C-N	6.86	1.41	1.34
1	A	359	ASN	N-CA	-6.14	1.38	1.46
1	A	279	CYS	C-N	5.64	1.41	1.33
1	A	359	ASN	CA-CB	-5.57	1.44	1.53
1	A	280	PRO	N-CD	5.25	1.55	1.47
1	A	30	THR	CA-C	5.22	1.58	1.52
1	A	265	THR	CA-CB	5.18	1.60	1.53
1	A	152	PRO	N-CD	5.14	1.54	1.47
1	A	389	PRO	N-CD	5.09	1.54	1.47
1	A	335	PRO	N-CD	5.02	1.54	1.47

All (128) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	80	VAL	N-CA-C	-20.54	95.27	111.90
1	A	139	THR	N-CA-C	13.97	132.87	108.56

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	413	GLN	N-CA-C	13.84	125.88	111.07
1	A	87	MET	N-CA-C	13.34	127.14	108.74
1	A	130	ASN	N-CA-CB	-13.21	89.80	111.20
1	A	379	GLU	CB-CA-C	-12.88	89.25	109.99
1	A	88	ASN	N-CA-C	-12.86	91.97	109.84
1	A	269	SER	N-CA-C	-12.81	92.30	108.45
1	A	88	ASN	CB-CA-C	12.46	129.90	109.46
1	A	116	ALA	CB-CA-C	12.34	133.57	110.62
1	A	139	THR	CB-CA-C	-12.14	93.09	112.03
1	A	303	ASP	N-CA-C	-11.15	90.34	108.07
1	A	412	LEU	N-CA-C	11.02	126.16	111.28
1	A	79	PRO	CB-CA-C	-11.02	93.38	111.56
1	A	304	SER	N-CA-C	-11.02	91.69	108.99
1	A	79	PRO	N-CA-C	-10.78	90.27	112.47
1	A	153	LYS	N-CA-C	10.63	123.73	108.00
1	A	194	HIS	N-CA-C	-10.47	88.50	110.80
1	A	338	THR	N-CA-C	10.43	117.61	108.22
1	A	266	GLY	N-CA-C	10.18	128.84	115.40
1	A	382	CYS	CB-CA-C	-10.10	91.53	109.71
1	A	151	ARG	N-CA-C	9.94	131.77	109.81
1	A	239	GLY	N-CA-C	9.70	132.13	112.34
1	A	116	ALA	N-CA-C	-9.62	94.08	108.79
1	A	287	GLN	CB-CA-C	-9.59	96.73	110.06
1	A	383	LYS	N-CA-CB	-9.36	94.67	110.49
1	A	95	LEU	CB-CA-C	-9.27	91.90	110.17
1	A	379	GLU	N-CA-C	9.23	122.55	108.52
1	A	112	THR	CA-C-N	9.17	128.93	119.76
1	A	112	THR	C-N-CA	9.17	128.93	119.76
1	A	319	ILE	CB-CA-C	9.06	126.05	110.38
1	A	287	GLN	N-CA-C	8.92	123.68	110.30
1	A	244	ILE	CB-CA-C	8.90	125.88	111.29
1	A	237	CYS	N-CA-CB	-8.89	95.02	109.60
1	A	30	THR	N-CA-C	8.82	121.55	108.14
1	A	245	VAL	N-CA-CB	-8.75	96.79	111.23
1	A	330	HIS	N-CA-C	-8.73	95.80	109.07
1	A	89	PRO	N-CD-CG	-8.63	90.26	103.20
1	A	152	PRO	CB-CA-C	-8.60	98.06	111.04
1	A	403	ASP	N-CA-C	-8.55	96.17	109.25
1	A	388	TYR	C-N-CD	8.55	139.40	120.60
1	A	329	LEU	N-CA-C	8.47	120.43	111.03
1	A	386	LEU	N-CA-C	8.33	122.72	112.23
1	A	414	TYR	N-CA-C	-8.32	94.78	108.67

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	164	SER	N-CA-C	-8.30	95.10	108.55
1	A	360	LEU	N-CA-C	-8.30	95.92	108.46
1	A	369	PHE	N-CA-C	8.11	121.88	108.49
1	A	150	VAL	CB-CA-C	8.10	124.57	111.29
1	A	361	ASP	N-CA-C	7.95	121.50	109.41
2	C	8	DT	C2'-C3'-O3'	-7.92	99.62	111.50
1	A	108	VAL	N-CA-C	7.88	117.94	110.30
1	A	92	PHE	N-CA-C	7.87	123.34	113.43
1	A	92	PHE	CB-CA-C	-7.86	96.45	109.65
1	A	82	ARG	CA-C-N	7.81	128.22	119.32
1	A	82	ARG	C-N-CA	7.81	128.22	119.32
1	A	407	TYR	N-CA-C	7.77	121.57	108.90
1	A	290	THR	N-CA-CB	-7.73	98.59	111.57
1	A	240	PRO	N-CA-C	-7.68	101.32	110.70
1	A	372	THR	N-CA-C	7.57	120.42	109.14
1	A	415	THR	N-CA-CB	-7.46	99.16	110.73
1	A	150	VAL	N-CA-C	-7.45	93.84	109.34
1	A	340	ARG	N-CA-C	7.34	119.49	107.23
1	A	35	ASN	N-CA-C	7.26	119.18	108.14
1	A	89	PRO	N-CA-CB	-7.12	95.78	103.25
1	A	211	ALA	CB-CA-C	7.10	123.73	110.95
1	A	308	LYS	CB-CA-C	-7.08	98.07	109.75
1	A	216	GLN	N-CA-C	7.00	122.31	107.67
1	A	380	ALA	CB-CA-C	-7.00	95.22	110.41
1	A	95	LEU	N-CA-C	6.97	125.20	109.81
1	A	236	ARG	N-CA-C	-6.91	98.80	108.54
1	A	392	ARG	CA-C-N	-6.91	111.21	119.84
1	A	392	ARG	C-N-CA	-6.91	111.21	119.84
1	A	109	THR	N-CA-C	6.89	120.74	111.24
1	A	380	ALA	N-CA-CB	-6.87	97.93	111.60
1	A	176	ASN	N-CA-C	-6.80	105.61	114.04
1	A	307	PHE	N-CA-C	6.79	120.67	110.14
1	A	53	VAL	N-CA-C	6.70	118.47	108.96
1	A	64	VAL	CB-CA-C	-6.66	100.37	111.29
1	A	292	ASP	N-CA-C	6.64	119.51	109.41
1	A	151	ARG	CA-C-N	-6.63	112.88	120.04
1	A	151	ARG	C-N-CA	-6.63	112.88	120.04
1	A	404	ASN	N-CA-C	6.61	118.91	108.67
1	A	180	ASP	N-CA-C	-6.56	103.62	111.69
1	A	346	HIS	CB-CA-C	-6.53	109.05	116.63
1	A	318	THR	N-CA-C	-6.52	96.91	110.80
1	A	308	LYS	N-CA-C	6.51	119.85	109.24

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	337	TYR	CB-CA-C	-6.50	98.52	111.91
1	A	136	LEU	N-CA-C	6.48	117.99	108.14
1	A	339	PRO	CA-N-CD	-6.43	103.00	112.00
1	A	279	CYS	CA-C-N	-6.41	113.18	119.78
1	A	279	CYS	C-N-CA	-6.41	113.18	119.78
1	A	366	ASN	N-CA-C	-6.37	98.23	109.06
1	A	288	TYR	N-CA-C	6.32	118.74	108.76
1	A	137	HIS	CB-CA-C	-6.31	98.89	110.62
1	A	212	LEU	N-CA-C	-6.27	99.94	109.85
1	A	233	ASN	N-CA-C	6.25	118.89	108.13
1	A	148	VAL	N-CA-C	6.15	118.58	108.99
1	A	27	ARG	N-CA-C	6.15	117.78	109.24
1	A	58	THR	N-CA-C	6.07	118.66	108.23
1	A	289	ARG	N-CA-C	6.02	117.70	108.42
1	A	355	LEU	N-CA-C	5.87	123.29	110.80
1	A	410	SER	N-CA-C	-5.79	103.95	113.50
1	A	34	ASN	N-CA-C	5.73	119.23	110.36
1	A	356	THR	N-CA-C	5.70	120.27	112.68
1	A	141	LEU	CB-CA-C	-5.68	99.12	110.42
1	A	376	PHE	N-CA-C	5.64	116.82	107.73
1	A	378	VAL	N-CA-C	-5.64	100.16	108.23
1	A	93	ALA	N-CA-C	-5.62	100.46	109.39
1	A	153	LYS	CB-CA-C	-5.58	108.53	116.34
1	A	331	ALA	CB-CA-C	-5.57	99.33	110.42
1	A	268	PRO	CA-C-N	5.56	131.77	122.20
1	A	268	PRO	C-N-CA	5.56	131.77	122.20
1	A	334	PHE	N-CA-C	5.49	118.19	109.40
1	A	309	ASP	N-CA-CB	-5.49	101.31	111.52
1	A	233	ASN	N-CA-CB	-5.38	101.72	110.59
1	A	393	PRO	CB-CA-C	5.34	120.38	111.56
1	A	205	PRO	N-CA-C	-5.34	101.48	112.47
1	A	158	ASN	N-CA-C	5.32	118.91	111.30
1	A	145	THR	N-CA-C	-5.30	100.27	108.90
1	A	358	ALA	N-CA-C	5.20	117.55	108.76
1	A	327	GLN	N-CA-C	5.19	117.37	108.90
1	A	324	GLU	N-CA-C	5.19	119.88	113.50
1	A	31	THR	CA-C-N	-5.14	113.41	119.84
1	A	31	THR	C-N-CA	-5.14	113.41	119.84
1	A	117	PHE	N-CA-C	-5.10	100.10	108.41
1	A	148	VAL	N-CA-CB	-5.10	103.90	112.47
1	A	239	GLY	C-N-CD	-5.08	104.19	125.00
1	A	32	PRO	CA-N-CD	-5.01	104.98	112.00

There are no chirality outliers.

All (2) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	289	ARG	Peptide
1	A	355	LEU	Peptide

5.2 Too-close contacts

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in the chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogen atoms added and optimized by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes within the asymmetric unit, whereas Symm-Clashes lists symmetry-related clashes.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	A	2946	0	2876	773	0
2	C	59	0	34	11	0
All	All	3005	0	2910	776	0

The all-atom clashscore is defined as the number of clashes found per 1000 atoms (including hydrogen atoms). The all-atom clashscore for this structure is 131.

All (776) close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:72:ILE:HB	1:A:151:ARG:NH2	1.22	1.53
1:A:289:ARG:CD	1:A:302:GLY:HA3	1.36	1.50
1:A:152:PRO:HD3	1:A:168:GLU:CD	1.46	1.41
1:A:289:ARG:HD2	1:A:302:GLY:C	1.50	1.36
1:A:280:PRO:HA	1:A:281:ALA:CB	1.54	1.34
1:A:260:ILE:HG21	1:A:391:ILE:CA	1.58	1.34
1:A:289:ARG:HD2	1:A:302:GLY:CA	1.56	1.34
1:A:260:ILE:CG2	1:A:391:ILE:HA	1.57	1.32
1:A:289:ARG:HD2	1:A:303:ASP:N	1.45	1.29
1:A:94:GLN:O	1:A:96:PRO:HD3	1.32	1.28
1:A:153:LYS:HB2	1:A:164:SER:O	1.16	1.28
1:A:72:ILE:CB	1:A:151:ARG:HH22	1.45	1.28
1:A:94:GLN:HE21	1:A:95:LEU:CB	1.47	1.28
1:A:264:TYR:OH	1:A:274:ASN:ND2	1.67	1.25
1:A:289:ARG:CD	1:A:302:GLY:CA	2.12	1.25
1:A:280:PRO:CA	1:A:281:ALA:HB3	1.67	1.25
1:A:153:LYS:CB	1:A:164:SER:O	1.85	1.24

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:94:GLN:NE2	1:A:95:LEU:HB2	1.52	1.22
1:A:50:LEU:HD23	1:A:72:ILE:HD11	1.24	1.20
1:A:46:LEU:HD23	1:A:204:TYR:O	1.43	1.18
1:A:50:LEU:CD1	1:A:153:LYS:HE3	1.73	1.16
1:A:159:GLU:HG3	1:A:160:PRO:CD	1.75	1.15
1:A:329:LEU:HA	1:A:398:PRO:CA	1.75	1.15
1:A:50:LEU:CD2	1:A:72:ILE:HG12	1.76	1.14
1:A:148:VAL:HG23	1:A:150:VAL:HG12	1.16	1.13
1:A:50:LEU:HD23	1:A:72:ILE:CD1	1.79	1.13
1:A:252:GLN:HB2	1:A:324:GLU:HG2	1.21	1.12
1:A:328:ILE:CD1	1:A:399:ASN:HB2	1.80	1.11
1:A:153:LYS:CD	1:A:162:VAL:HG23	1.81	1.11
1:A:111:PHE:HA	1:A:241:PRO:HD2	1.30	1.11
1:A:260:ILE:HG21	1:A:391:ILE:N	1.64	1.10
1:A:152:PRO:HD3	1:A:168:GLU:OE2	1.49	1.10
1:A:153:LYS:HD2	1:A:162:VAL:HA	1.32	1.10
1:A:329:LEU:HA	1:A:398:PRO:HA	1.11	1.09
1:A:137:HIS:CE1	1:A:233:ASN:HD21	1.70	1.09
1:A:260:ILE:CG2	1:A:391:ILE:CA	2.23	1.08
1:A:159:GLU:CG	1:A:160:PRO:HD2	1.84	1.07
1:A:349:VAL:HG12	1:A:351:PRO:HD3	1.36	1.07
1:A:50:LEU:HD11	1:A:153:LYS:CE	1.84	1.07
1:A:150:VAL:HG23	1:A:168:GLU:N	1.70	1.07
1:A:358:ALA:O	1:A:359:ASN:ND2	1.88	1.06
1:A:50:LEU:CD2	1:A:72:ILE:CG1	2.33	1.06
1:A:393:PRO:O	1:A:396:ASN:HB2	1.56	1.05
1:A:50:LEU:CD2	1:A:72:ILE:CD1	2.34	1.05
1:A:114:ARG:N	1:A:365:ASN:O	1.89	1.05
1:A:153:LYS:HD3	1:A:162:VAL:HG23	1.36	1.05
1:A:72:ILE:CB	1:A:151:ARG:NH2	2.12	1.04
1:A:94:GLN:HE21	1:A:95:LEU:HB2	0.88	1.04
1:A:394:LEU:HD12	1:A:395:PHE:H	1.22	1.04
1:A:152:PRO:HD3	1:A:168:GLU:CG	1.88	1.03
1:A:136:LEU:HD23	1:A:344:SER:O	1.57	1.03
1:A:60:THR:HB	1:A:64:VAL:HG12	1.39	1.03
1:A:159:GLU:HG3	1:A:160:PRO:HD2	1.08	1.02
1:A:329:LEU:CA	1:A:398:PRO:HA	1.89	1.02
1:A:148:VAL:CG2	1:A:150:VAL:HG12	1.88	1.02
1:A:385:ARG:HD3	1:A:386:LEU:HG	1.37	1.02
1:A:214:LEU:HD21	1:A:216:GLN:OE1	1.59	1.02
1:A:37:ILE:HG23	1:A:376:PHE:CZ	1.93	1.02

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:50:LEU:CD2	1:A:72:ILE:HD11	1.90	1.01
1:A:330:HIS:CD2	1:A:395:PHE:HA	1.95	1.01
1:A:261:PRO:HA	1:A:396:ASN:ND2	1.76	1.00
1:A:72:ILE:HG21	1:A:162:VAL:HG11	1.38	0.99
1:A:383:LYS:H	1:A:391:ILE:HD13	1.24	0.99
1:A:148:VAL:HG11	1:A:412:LEU:H	1.25	0.99
1:A:130:ASN:O	1:A:131:GLN:HG3	1.62	0.99
1:A:260:ILE:HG12	1:A:390:SER:HB2	1.41	0.99
1:A:153:LYS:HD3	1:A:162:VAL:CG2	1.93	0.99
1:A:289:ARG:HD3	1:A:302:GLY:HA3	0.99	0.98
1:A:152:PRO:CD	1:A:168:GLU:CD	2.36	0.98
1:A:152:PRO:CD	1:A:168:GLU:HG3	1.93	0.98
1:A:328:ILE:HD11	1:A:399:ASN:HB2	0.99	0.98
1:A:350:LYS:NZ	1:A:360:LEU:HD22	1.78	0.98
1:A:83:PRO:HG2	1:A:318:THR:HG23	1.46	0.98
1:A:150:VAL:HG23	1:A:168:GLU:H	1.24	0.97
1:A:152:PRO:CD	1:A:168:GLU:CG	2.41	0.97
1:A:297:ASN:O	1:A:298:ASN:OD1	1.83	0.97
1:A:112:THR:HB	1:A:239:GLY:O	1.64	0.97
1:A:136:LEU:HD21	1:A:344:SER:HB3	1.46	0.97
1:A:50:LEU:HD23	1:A:72:ILE:CG1	1.91	0.97
1:A:152:PRO:HD2	1:A:168:GLU:HG3	1.45	0.97
1:A:94:GLN:C	1:A:96:PRO:HD3	1.89	0.96
1:A:289:ARG:CD	1:A:303:ASP:N	2.27	0.96
1:A:350:LYS:HE3	1:A:361:ASP:O	1.65	0.96
1:A:311:VAL:HG22	1:A:400:THR:HB	1.45	0.95
1:A:84:PHE:HB3	1:A:318:THR:HG21	1.47	0.95
1:A:37:ILE:HG23	1:A:376:PHE:CE1	2.02	0.95
1:A:159:GLU:CG	1:A:160:PRO:CD	2.41	0.94
1:A:328:ILE:HD11	1:A:399:ASN:CB	1.96	0.94
1:A:247:TYR:OH	1:A:339:PRO:HG2	1.66	0.94
1:A:329:LEU:CD1	2:C:7:DT:O2	2.16	0.94
1:A:159:GLU:HB2	1:A:160:PRO:HD3	1.50	0.94
1:A:50:LEU:HD11	1:A:153:LYS:HE3	0.94	0.94
1:A:148:VAL:CG1	1:A:412:LEU:H	1.81	0.93
1:A:153:LYS:HD2	1:A:162:VAL:CA	1.98	0.93
1:A:61:VAL:HG23	1:A:63:ASP:H	1.33	0.93
1:A:289:ARG:HD2	1:A:303:ASP:H	1.31	0.92
1:A:236:ARG:HB2	1:A:236:ARG:NH1	1.83	0.92
1:A:64:VAL:HG23	1:A:64:VAL:O	1.68	0.92
1:A:325:LYS:HE3	1:A:416:HIS:HB2	1.52	0.91

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:50:LEU:CD1	1:A:153:LYS:CE	2.46	0.91
1:A:50:LEU:HD21	1:A:72:ILE:HG12	1.49	0.91
1:A:140:GLY:HA3	1:A:340:ARG:H	1.35	0.91
1:A:325:LYS:CE	1:A:416:HIS:HB2	1.99	0.91
1:A:153:LYS:CD	1:A:162:VAL:CG2	2.47	0.91
1:A:38:ILE:HG22	1:A:375:TYR:HA	1.53	0.90
1:A:334:PHE:CZ	2:C:7:DT:H2"	2.06	0.90
1:A:261:PRO:HA	1:A:396:ASN:HD22	1.32	0.90
1:A:261:PRO:CA	1:A:396:ASN:ND2	2.35	0.89
1:A:255:LEU:O	1:A:323:ILE:HD12	1.73	0.89
1:A:72:ILE:HG21	1:A:162:VAL:CG1	2.01	0.89
1:A:86:TYR:HE2	1:A:104:CYS:HB2	1.37	0.89
1:A:153:LYS:HE3	1:A:162:VAL:HB	1.54	0.89
1:A:260:ILE:HG12	1:A:390:SER:CB	2.03	0.89
1:A:46:LEU:CD2	1:A:204:TYR:O	2.21	0.88
1:A:109:THR:HA	1:A:243:GLU:HA	1.55	0.88
1:A:253:LEU:H	1:A:324:GLU:CG	1.85	0.88
1:A:79:PRO:O	1:A:85:LEU:HG	1.73	0.88
1:A:153:LYS:CD	1:A:162:VAL:CB	2.52	0.88
1:A:262:ALA:HB2	1:A:393:PRO:O	1.73	0.87
1:A:287:GLN:OE1	1:A:303:ASP:HB3	1.75	0.87
1:A:29:ILE:HG22	1:A:30:THR:H	1.40	0.87
1:A:94:GLN:C	1:A:96:PRO:CD	2.48	0.87
1:A:53:VAL:HG22	1:A:54:VAL:H	1.40	0.87
1:A:314:ASN:H	1:A:314:ASN:HD22	1.18	0.87
1:A:386:LEU:O	1:A:388:TYR:CE1	2.28	0.86
1:A:72:ILE:CG2	1:A:162:VAL:HG11	2.04	0.86
1:A:137:HIS:CE1	1:A:233:ASN:ND2	2.41	0.86
1:A:100:CYS:O	1:A:376:PHE:HB2	1.75	0.86
1:A:154:GLU:HB3	1:A:164:SER:OG	1.76	0.86
1:A:152:PRO:HB3	1:A:207:LYS:O	1.74	0.86
1:A:260:ILE:HG22	1:A:391:ILE:HA	1.58	0.85
1:A:58:THR:HA	1:A:67:VAL:HG22	1.55	0.85
1:A:83:PRO:HD3	1:A:321:THR:HG23	1.58	0.85
1:A:343:PRO:HB2	1:A:368:ASN:HD21	1.42	0.85
1:A:289:ARG:HB3	1:A:302:GLY:H	1.40	0.85
1:A:94:GLN:NE2	1:A:95:LEU:CB	2.20	0.85
1:A:289:ARG:CD	1:A:303:ASP:H	1.88	0.85
1:A:156:GLN:HG2	1:A:157:ALA:H	1.42	0.84
1:A:260:ILE:CG1	1:A:390:SER:HB2	2.07	0.84
1:A:391:ILE:HG22	1:A:392:ARG:H	1.43	0.84

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:44:ARG:HG3	1:A:44:ARG:HH11	1.43	0.83
1:A:71:VAL:C	1:A:151:ARG:HH12	1.86	0.83
1:A:151:ARG:HG2	1:A:165:SER:HB2	1.59	0.83
1:A:292:ASP:OD1	1:A:297:ASN:HA	1.78	0.83
1:A:72:ILE:HD12	1:A:73:THR:H	1.42	0.83
1:A:309:ASP:O	1:A:400:THR:N	2.10	0.83
1:A:72:ILE:N	1:A:151:ARG:HH12	1.76	0.82
1:A:155:PHE:O	1:A:163:VAL:HG21	1.77	0.82
1:A:143:ILE:HD13	1:A:144:LYS:H	1.43	0.82
1:A:236:ARG:HB2	1:A:236:ARG:CZ	2.06	0.82
1:A:343:PRO:HB2	1:A:368:ASN:ND2	1.95	0.81
1:A:141:LEU:HD12	1:A:142:ASN:N	1.94	0.81
1:A:153:LYS:HD2	1:A:162:VAL:HG23	1.61	0.81
1:A:375:TYR:O	1:A:376:PHE:HB3	1.79	0.81
1:A:142:ASN:ND2	1:A:143:ILE:HG23	1.95	0.81
1:A:328:ILE:O	1:A:399:ASN:N	2.13	0.81
1:A:260:ILE:HG21	1:A:390:SER:C	2.05	0.81
1:A:53:VAL:HG22	1:A:54:VAL:N	1.95	0.81
1:A:64:VAL:O	1:A:64:VAL:CG2	2.28	0.81
1:A:234:GLU:C	1:A:235:ILE:HD13	2.06	0.81
1:A:358:ALA:C	1:A:359:ASN:HD22	1.89	0.81
1:A:51:ALA:O	1:A:72:ILE:CG2	2.29	0.81
1:A:383:LYS:HB2	1:A:391:ILE:HB	1.60	0.81
1:A:244:ILE:HG22	1:A:245:VAL:H	1.46	0.80
1:A:105:ASN:HB2	1:A:247:TYR:O	1.81	0.80
1:A:289:ARG:HD3	1:A:302:GLY:CA	1.95	0.80
1:A:287:GLN:CD	1:A:303:ASP:HB3	2.07	0.80
1:A:153:LYS:HD2	1:A:162:VAL:CB	2.09	0.80
1:A:415:THR:HB	1:A:416:HIS:CE1	2.17	0.79
1:A:253:LEU:H	1:A:324:GLU:HG2	1.47	0.79
1:A:289:ARG:HB2	1:A:302:GLY:C	2.08	0.79
1:A:159:GLU:CB	1:A:160:PRO:CD	2.60	0.79
1:A:214:LEU:CD2	1:A:216:GLN:OE1	2.29	0.79
1:A:148:VAL:CG2	1:A:150:VAL:CG1	2.61	0.79
1:A:26:PRO:O	1:A:28:PRO:HD3	1.83	0.79
1:A:350:LYS:HZ2	1:A:360:LEU:HD22	1.45	0.78
1:A:345:LEU:CD2	1:A:345:LEU:H	1.97	0.78
1:A:51:ALA:O	1:A:72:ILE:HG23	1.83	0.78
1:A:317:TRP:N	1:A:319:ILE:HD11	1.98	0.78
1:A:345:LEU:H	1:A:345:LEU:HD22	1.48	0.78
1:A:260:ILE:HG23	1:A:390:SER:O	1.84	0.77

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:37:ILE:CG2	1:A:376:PHE:CZ	2.66	0.77
1:A:50:LEU:CG	1:A:72:ILE:HG12	2.14	0.77
1:A:261:PRO:CA	1:A:396:ASN:HD22	1.95	0.77
1:A:48:TYR:O	1:A:50:LEU:N	2.18	0.77
1:A:291:ALA:HB3	1:A:300:LEU:HB2	1.64	0.77
1:A:136:LEU:HD23	1:A:344:SER:C	2.10	0.76
1:A:50:LEU:HD21	1:A:72:ILE:CD1	2.14	0.76
1:A:135:ILE:HG12	1:A:136:LEU:N	1.98	0.76
1:A:271:VAL:HG13	1:A:271:VAL:O	1.84	0.76
1:A:350:LYS:HZ3	1:A:360:LEU:HD22	1.48	0.76
1:A:289:ARG:HB3	1:A:302:GLY:N	2.00	0.76
1:A:382:CYS:O	1:A:382:CYS:SG	2.44	0.76
1:A:111:PHE:HA	1:A:241:PRO:CD	2.15	0.76
1:A:153:LYS:CE	1:A:162:VAL:HB	2.15	0.76
1:A:101:ILE:HA	1:A:376:PHE:CB	2.15	0.75
1:A:287:GLN:OE1	1:A:303:ASP:CB	2.34	0.75
1:A:42:VAL:HG23	1:A:42:VAL:O	1.85	0.75
1:A:264:TYR:CE2	1:A:265:THR:O	2.39	0.75
1:A:265:THR:HG22	1:A:266:GLY:H	1.51	0.75
1:A:214:LEU:HD12	1:A:215:GLN:N	2.01	0.75
1:A:148:VAL:HG11	1:A:412:LEU:N	2.00	0.75
1:A:72:ILE:HB	1:A:151:ARG:HH21	1.50	0.75
1:A:27:ARG:HE	1:A:27:ARG:C	1.94	0.75
1:A:79:PRO:O	1:A:85:LEU:CG	2.34	0.74
1:A:110:ALA:HB2	1:A:368:ASN:HA	1.69	0.74
1:A:153:LYS:CD	1:A:162:VAL:HB	2.16	0.74
1:A:383:LYS:CB	1:A:391:ILE:HB	2.16	0.74
1:A:96:PRO:HB2	1:A:99:SER:HB2	1.70	0.74
1:A:130:ASN:HD22	1:A:131:GLN:N	1.85	0.74
1:A:262:ALA:HB2	1:A:393:PRO:C	2.13	0.73
1:A:148:VAL:HG23	1:A:150:VAL:CG1	2.07	0.73
1:A:289:ARG:CD	1:A:302:GLY:C	2.43	0.73
1:A:135:ILE:O	1:A:235:ILE:HG12	1.87	0.73
1:A:287:GLN:OE1	1:A:303:ASP:CA	2.37	0.73
1:A:94:GLN:HE21	1:A:95:LEU:HB3	1.51	0.73
1:A:234:GLU:O	1:A:235:ILE:HD13	1.88	0.73
1:A:29:ILE:HG22	1:A:30:THR:N	2.03	0.73
1:A:159:GLU:OE1	1:A:363:ASN:HB3	1.89	0.73
1:A:71:VAL:O	1:A:211:ALA:HB1	1.89	0.72
1:A:82:ARG:HB2	1:A:84:PHE:CE1	2.23	0.72
1:A:44:ARG:HG3	1:A:44:ARG:NH1	2.04	0.72

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:82:ARG:HB2	1:A:84:PHE:HE1	1.55	0.72
1:A:329:LEU:HA	1:A:398:PRO:CB	2.19	0.72
1:A:50:LEU:HD21	1:A:72:ILE:CG1	2.11	0.72
1:A:159:GLU:HB2	1:A:160:PRO:CD	2.19	0.72
1:A:57:ILE:O	1:A:67:VAL:HG13	1.90	0.72
1:A:150:VAL:HG22	1:A:151:ARG:H	1.53	0.72
1:A:280:PRO:HA	1:A:281:ALA:HB3	0.75	0.72
1:A:28:PRO:C	1:A:29:ILE:HD12	2.14	0.71
1:A:261:PRO:C	1:A:396:ASN:ND2	2.47	0.71
1:A:229:GLN:O	1:A:232:VAL:HG12	1.89	0.71
1:A:349:VAL:HG12	1:A:351:PRO:CD	2.18	0.71
1:A:329:LEU:HD13	2:C:7:DT:O2	1.89	0.71
1:A:31:THR:OG1	1:A:32:PRO:HD3	1.91	0.71
1:A:142:ASN:HD21	1:A:143:ILE:HG23	1.54	0.71
1:A:53:VAL:CG2	1:A:54:VAL:H	2.04	0.71
1:A:294:THR:O	1:A:295:MET:HB2	1.90	0.71
1:A:73:THR:HG22	1:A:210:PHE:O	1.92	0.70
1:A:383:LYS:N	1:A:391:ILE:HD13	2.04	0.70
1:A:47:THR:HG21	1:A:343:PRO:O	1.90	0.70
1:A:48:TYR:HE2	1:A:365:ASN:ND2	1.89	0.70
1:A:101:ILE:HG13	1:A:375:TYR:O	1.90	0.70
1:A:183:LYS:HB3	1:A:194:HIS:CD2	2.27	0.70
1:A:140:GLY:C	1:A:142:ASN:H	1.97	0.70
1:A:329:LEU:HD12	2:C:7:DT:O2	1.92	0.70
1:A:407:TYR:CE1	1:A:418:VAL:HG13	2.26	0.70
1:A:161:MET:O	1:A:163:VAL:HG13	1.91	0.70
1:A:329:LEU:C	1:A:398:PRO:HA	2.16	0.70
1:A:323:ILE:HG22	1:A:323:ILE:O	1.91	0.70
1:A:253:LEU:HD13	1:A:327:GLN:HB3	1.74	0.69
1:A:320:ALA:HB1	1:A:322:GLN:NE2	2.07	0.69
1:A:88:ASN:HB2	1:A:91:GLU:HG3	1.75	0.69
1:A:86:TYR:HD2	1:A:374:ALA:HB2	1.55	0.69
1:A:109:THR:CA	1:A:243:GLU:HA	2.22	0.69
1:A:260:ILE:CG2	1:A:390:SER:C	2.65	0.69
1:A:130:ASN:O	1:A:131:GLN:CG	2.38	0.69
1:A:233:ASN:OD1	1:A:233:ASN:O	2.10	0.69
1:A:111:PHE:CA	1:A:241:PRO:HD2	2.18	0.69
1:A:334:PHE:CE2	2:C:7:DT:H1'	2.28	0.69
1:A:159:GLU:CB	1:A:160:PRO:HD3	2.19	0.68
1:A:106:VAL:HG12	1:A:372:THR:HB	1.76	0.68
1:A:260:ILE:HG21	1:A:391:ILE:C	2.19	0.68

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:90:ASN:C	1:A:92:PHE:N	2.50	0.68
1:A:255:LEU:HD22	1:A:256:ILE:H	1.59	0.68
1:A:287:GLN:OE1	1:A:304:SER:N	2.27	0.68
1:A:27:ARG:O	1:A:27:ARG:NE	2.27	0.68
1:A:60:THR:HA	1:A:64:VAL:HA	1.76	0.68
1:A:153:LYS:CD	1:A:162:VAL:HA	2.20	0.68
1:A:350:LYS:HE3	1:A:361:ASP:C	2.18	0.68
1:A:151:ARG:HH21	1:A:162:VAL:HG21	1.59	0.67
1:A:37:ILE:HD12	1:A:38:ILE:H	1.58	0.67
1:A:103:GLU:HG2	1:A:104:CYS:H	1.57	0.67
1:A:153:LYS:HD2	1:A:162:VAL:CG2	2.17	0.67
1:A:195:VAL:O	1:A:196:PRO:C	2.37	0.67
1:A:385:ARG:CD	1:A:386:LEU:HG	2.21	0.67
1:A:50:LEU:HG	1:A:72:ILE:HG12	1.76	0.67
1:A:169:LEU:HD22	1:A:411:THR:OG1	1.95	0.67
1:A:264:TYR:CZ	1:A:265:THR:O	2.48	0.67
1:A:60:THR:HG22	1:A:64:VAL:HB	1.77	0.67
1:A:80:VAL:HG12	1:A:81:ASP:N	2.09	0.67
1:A:288:TYR:OH	1:A:405:GLN:NE2	2.28	0.66
1:A:41:LYS:HE2	1:A:87:MET:HA	1.77	0.66
1:A:94:GLN:O	1:A:96:PRO:CD	2.24	0.66
1:A:136:LEU:CD2	1:A:344:SER:HB3	2.23	0.66
1:A:415:THR:HG22	1:A:415:THR:O	1.95	0.66
1:A:328:ILE:HG13	1:A:399:ASN:O	1.94	0.66
1:A:95:LEU:O	1:A:95:LEU:HG	1.95	0.66
1:A:148:VAL:HG11	1:A:411:THR:HA	1.77	0.66
1:A:110:ALA:CB	1:A:368:ASN:HA	2.25	0.66
1:A:108:VAL:HG23	1:A:109:THR:N	2.11	0.66
1:A:289:ARG:CB	1:A:302:GLY:C	2.68	0.66
1:A:394:LEU:CD1	1:A:395:PHE:H	2.05	0.66
1:A:42:VAL:HG12	1:A:371:ASP:HB2	1.76	0.65
1:A:136:LEU:CD2	1:A:344:SER:O	2.41	0.65
1:A:171:ALA:O	1:A:174:ASP:N	2.28	0.65
1:A:88:ASN:CB	1:A:91:GLU:HG3	2.26	0.65
1:A:75:LEU:HD12	1:A:344:SER:CB	2.26	0.65
1:A:23:ILE:N	1:A:23:ILE:HD13	2.11	0.65
1:A:101:ILE:HA	1:A:376:PHE:HB3	1.76	0.65
1:A:90:ASN:C	1:A:92:PHE:H	2.04	0.65
1:A:158:ASN:O	1:A:159:GLU:HG2	1.96	0.65
1:A:308:LYS:HZ1	1:A:331:ALA:HB2	1.61	0.65
1:A:289:ARG:NE	1:A:303:ASP:O	2.30	0.65

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:150:VAL:CG2	1:A:167:ASP:HA	2.27	0.65
1:A:260:ILE:CG2	1:A:390:SER:O	2.45	0.65
1:A:140:GLY:HA2	1:A:340:ARG:O	1.97	0.64
1:A:75:LEU:HD12	1:A:344:SER:HB2	1.78	0.64
1:A:244:ILE:HD12	1:A:244:ILE:N	2.13	0.64
1:A:394:LEU:HD12	1:A:395:PHE:N	2.06	0.64
1:A:72:ILE:CA	1:A:151:ARG:HH22	2.09	0.64
1:A:334:PHE:HZ	2:C:7:DT:H2"	1.61	0.64
1:A:289:ARG:NE	1:A:303:ASP:H	1.95	0.64
1:A:143:ILE:HD13	1:A:144:LYS:N	2.13	0.64
1:A:47:THR:HA	1:A:209:TYR:OH	1.98	0.64
1:A:28:PRO:O	1:A:29:ILE:HG13	1.97	0.63
1:A:136:LEU:CD2	1:A:344:SER:C	2.71	0.63
1:A:198:HIS:O	1:A:199:GLN:HB2	1.97	0.63
1:A:51:ALA:O	1:A:72:ILE:HG21	1.98	0.63
1:A:94:GLN:NE2	1:A:95:LEU:HB3	2.11	0.63
1:A:314:ASN:HD22	1:A:314:ASN:N	1.94	0.63
1:A:260:ILE:HG23	1:A:391:ILE:HA	1.73	0.63
1:A:137:HIS:C	1:A:137:HIS:CD2	2.76	0.63
1:A:134:PHE:CD1	1:A:236:ARG:NH1	2.67	0.63
1:A:321:THR:O	1:A:323:ILE:HG13	1.98	0.63
1:A:377:ILE:HG22	1:A:378:VAL:N	2.14	0.63
1:A:151:ARG:NH1	1:A:211:ALA:HB1	2.14	0.63
1:A:350:LYS:N	1:A:351:PRO:HD3	2.14	0.63
1:A:372:THR:OG1	1:A:373:GLN:N	2.32	0.63
1:A:27:ARG:NE	1:A:29:ILE:CD1	2.62	0.62
1:A:86:TYR:CD2	1:A:374:ALA:HB2	2.32	0.62
1:A:130:ASN:HD22	1:A:131:GLN:H	1.44	0.62
1:A:240:PRO:C	1:A:242:GLY:H	2.07	0.62
1:A:75:LEU:HA	1:A:344:SER:HB2	1.81	0.62
1:A:128:THR:HG22	1:A:129:LEU:N	2.13	0.62
1:A:414:TYR:CD2	1:A:415:THR:N	2.63	0.62
1:A:414:TYR:CE2	1:A:415:THR:HB	2.33	0.62
1:A:50:LEU:HD11	1:A:162:VAL:HB	1.81	0.62
1:A:140:GLY:C	1:A:142:ASN:N	2.55	0.62
1:A:74:SER:C	1:A:344:SER:OG	2.43	0.62
1:A:289:ARG:O	1:A:290:THR:OG1	2.16	0.62
1:A:114:ARG:HB2	1:A:365:ASN:HB2	1.82	0.62
1:A:297:ASN:O	1:A:298:ASN:CG	2.42	0.61
1:A:252:GLN:HB2	1:A:324:GLU:CG	2.13	0.61
1:A:355:LEU:HB3	1:A:356:THR:HG23	1.82	0.61

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:84:PHE:CB	1:A:318:THR:HG21	2.27	0.61
1:A:88:ASN:O	1:A:92:PHE:CB	2.48	0.61
1:A:88:ASN:HB3	1:A:91:GLU:CG	2.30	0.61
1:A:267:VAL:N	1:A:268:PRO:HD3	2.14	0.61
1:A:414:TYR:CG	1:A:415:THR:N	2.68	0.61
1:A:151:ARG:HG2	1:A:165:SER:CB	2.29	0.61
1:A:290:THR:HA	1:A:301:ARG:HA	1.83	0.61
1:A:78:LEU:O	1:A:80:VAL:N	2.34	0.61
1:A:386:LEU:O	1:A:388:TYR:CZ	2.52	0.61
1:A:27:ARG:CD	1:A:29:ILE:CD1	2.78	0.61
1:A:95:LEU:N	1:A:96:PRO:CD	2.64	0.61
1:A:336:SER:C	1:A:337:TYR:HD1	2.09	0.61
1:A:50:LEU:HD13	1:A:153:LYS:CE	2.30	0.61
1:A:53:VAL:HG13	1:A:55:ILE:CD1	2.31	0.61
1:A:318:THR:O	1:A:319:ILE:HG13	2.01	0.61
1:A:392:ARG:HB2	1:A:396:ASN:OD1	2.01	0.61
1:A:60:THR:CB	1:A:64:VAL:HG12	2.25	0.61
1:A:108:VAL:HG23	1:A:109:THR:H	1.66	0.61
1:A:114:ARG:HH12	1:A:367:ALA:HB2	1.66	0.60
1:A:179:GLU:HA	1:A:182:VAL:HG23	1.83	0.60
1:A:181:TYR:O	1:A:184:GLU:HG3	2.00	0.60
1:A:147:GLY:HA3	1:A:212:LEU:HD23	1.83	0.60
1:A:291:ALA:HB3	1:A:300:LEU:CB	2.31	0.60
1:A:151:ARG:CG	1:A:165:SER:HB2	2.30	0.60
1:A:197:ARG:O	1:A:202:ILE:HG22	2.01	0.60
1:A:330:HIS:HD2	1:A:395:PHE:HA	1.66	0.59
1:A:38:ILE:H	1:A:38:ILE:HD13	1.68	0.59
1:A:150:VAL:HG21	1:A:169:LEU:HD23	1.83	0.59
1:A:247:TYR:HH	1:A:339:PRO:HG2	1.64	0.59
1:A:377:ILE:CG2	1:A:378:VAL:N	2.65	0.59
1:A:55:ILE:HG12	1:A:162:VAL:HG22	1.83	0.59
1:A:81:ASP:HB2	1:A:322:GLN:OE1	2.02	0.59
1:A:167:ASP:OD1	1:A:169:LEU:HD21	2.02	0.59
1:A:302:GLY:O	1:A:303:ASP:OD1	2.21	0.59
1:A:383:LYS:HE3	1:A:383:LYS:HA	1.85	0.59
1:A:103:GLU:HG2	1:A:104:CYS:N	2.17	0.58
1:A:311:VAL:HG12	1:A:313:SER:H	1.68	0.58
1:A:338:THR:CG2	1:A:340:ARG:HH12	2.15	0.58
1:A:140:GLY:CA	1:A:340:ARG:H	2.13	0.58
1:A:143:ILE:HD13	1:A:143:ILE:N	2.19	0.58
1:A:210:PHE:O	1:A:211:ALA:HB2	2.04	0.58

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:86:TYR:N	1:A:86:TYR:HD1	2.02	0.58
1:A:256:ILE:O	1:A:257:LYS:HD2	2.03	0.58
1:A:134:PHE:HA	1:A:235:ILE:O	2.03	0.58
1:A:280:PRO:CA	1:A:281:ALA:CB	2.42	0.58
1:A:392:ARG:CB	1:A:396:ASN:OD1	2.52	0.58
1:A:82:ARG:HH11	1:A:82:ARG:HB3	1.69	0.58
1:A:101:ILE:HA	1:A:376:PHE:HB2	1.85	0.58
1:A:72:ILE:CD1	1:A:73:THR:H	2.14	0.57
1:A:133:GLN:HG2	1:A:364:LEU:HD23	1.84	0.57
1:A:151:ARG:NH1	1:A:211:ALA:CB	2.67	0.57
1:A:260:ILE:O	1:A:396:ASN:ND2	2.36	0.57
1:A:143:ILE:H	1:A:143:ILE:CD1	2.17	0.57
1:A:86:TYR:N	1:A:86:TYR:CD1	2.71	0.57
1:A:88:ASN:CB	1:A:91:GLU:CG	2.82	0.57
1:A:109:THR:O	1:A:109:THR:OG1	2.22	0.57
1:A:325:LYS:HE3	1:A:416:HIS:CB	2.32	0.57
1:A:388:TYR:N	1:A:388:TYR:CD1	2.73	0.57
1:A:45:PHE:HB3	1:A:206:LEU:HD21	1.85	0.57
1:A:53:VAL:H	1:A:72:ILE:CG2	2.17	0.57
1:A:84:PHE:H	1:A:318:THR:HG23	1.70	0.57
1:A:150:VAL:CG2	1:A:168:GLU:H	2.10	0.57
1:A:44:ARG:HB2	1:A:203:PRO:HA	1.86	0.57
1:A:55:ILE:HD11	1:A:162:VAL:HG13	1.85	0.57
1:A:72:ILE:HB	1:A:151:ARG:HH22	0.76	0.57
1:A:350:LYS:N	1:A:351:PRO:CD	2.68	0.57
1:A:183:LYS:HB3	1:A:194:HIS:NE2	2.19	0.57
1:A:400:THR:OG1	1:A:401:ILE:N	2.35	0.56
1:A:23:ILE:N	1:A:24:PRO:CD	2.68	0.56
1:A:153:LYS:HB3	1:A:164:SER:O	1.95	0.56
1:A:260:ILE:HG12	1:A:390:SER:C	2.30	0.56
1:A:137:HIS:NE2	1:A:233:ASN:ND2	2.46	0.56
1:A:261:PRO:C	1:A:396:ASN:HD22	2.12	0.56
1:A:90:ASN:O	1:A:92:PHE:N	2.38	0.56
1:A:94:GLN:C	1:A:96:PRO:HD2	2.28	0.56
1:A:154:GLU:CB	1:A:164:SER:OG	2.49	0.56
1:A:83:PRO:HD3	1:A:321:THR:CG2	2.32	0.56
1:A:260:ILE:CG2	1:A:391:ILE:C	2.79	0.56
1:A:328:ILE:CD1	1:A:399:ASN:CB	2.70	0.56
1:A:336:SER:O	1:A:337:TYR:CD1	2.59	0.56
1:A:85:LEU:HD13	1:A:85:LEU:O	2.05	0.56
1:A:153:LYS:HB3	1:A:165:SER:HA	1.87	0.56

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:264:TYR:CG	1:A:265:THR:N	2.73	0.56
1:A:322:GLN:O	1:A:322:GLN:HG2	2.06	0.56
1:A:181:TYR:O	1:A:183:LYS:N	2.39	0.56
1:A:130:ASN:C	1:A:131:GLN:HG3	2.31	0.56
1:A:311:VAL:HG21	1:A:327:GLN:NE2	2.21	0.56
1:A:53:VAL:CG2	1:A:54:VAL:N	2.62	0.55
1:A:196:PRO:HG2	1:A:200:PHE:HD2	1.70	0.55
1:A:253:LEU:H	1:A:324:GLU:HG3	1.67	0.55
1:A:329:LEU:HD12	2:C:7:DT:C2	2.41	0.55
1:A:247:TYR:HD2	1:A:341:ALA:HB2	1.70	0.55
1:A:141:LEU:HB2	1:A:145:THR:CG2	2.37	0.55
1:A:383:LYS:H	1:A:391:ILE:CD1	2.09	0.55
1:A:72:ILE:CG1	1:A:73:THR:N	2.69	0.55
1:A:72:ILE:HG13	1:A:73:THR:N	2.22	0.55
1:A:76:GLY:O	1:A:342:GLN:HB3	2.05	0.55
1:A:350:LYS:CE	1:A:361:ASP:O	2.49	0.55
1:A:391:ILE:HG22	1:A:392:ARG:N	2.18	0.55
1:A:86:TYR:CE2	1:A:104:CYS:HB2	2.29	0.55
1:A:343:PRO:CB	1:A:368:ASN:ND2	2.69	0.55
1:A:112:THR:CB	1:A:239:GLY:O	2.48	0.55
1:A:142:ASN:ND2	1:A:143:ILE:N	2.55	0.55
1:A:255:LEU:HD22	1:A:256:ILE:N	2.22	0.55
1:A:146:GLN:CD	1:A:146:GLN:N	2.64	0.54
1:A:156:GLN:HB2	1:A:163:VAL:HG11	1.88	0.54
1:A:95:LEU:O	1:A:97:PRO:CD	2.56	0.54
1:A:159:GLU:HG3	1:A:160:PRO:N	2.22	0.54
1:A:73:THR:HG23	1:A:75:LEU:HB2	1.89	0.54
1:A:82:ARG:NE	1:A:178:PHE:CD2	2.75	0.54
1:A:135:ILE:HG12	1:A:136:LEU:H	1.70	0.54
1:A:143:ILE:N	1:A:143:ILE:CD1	2.70	0.54
1:A:314:ASN:H	1:A:314:ASN:ND2	1.98	0.54
1:A:329:LEU:HA	1:A:398:PRO:HB3	1.89	0.54
1:A:160:PRO:HG2	1:A:363:ASN:HA	1.87	0.54
1:A:216:GLN:O	1:A:216:GLN:HG3	2.07	0.54
1:A:355:LEU:HD12	1:A:356:THR:HG22	1.88	0.54
1:A:415:THR:C	1:A:416:HIS:CG	2.84	0.54
1:A:106:VAL:HG12	1:A:372:THR:CB	2.36	0.54
1:A:159:GLU:OE2	1:A:362:ASP:HA	2.07	0.54
1:A:247:TYR:CD2	1:A:341:ALA:HB2	2.43	0.54
1:A:106:VAL:HG22	1:A:247:TYR:HB3	1.90	0.54
1:A:287:GLN:OE1	1:A:303:ASP:HA	2.07	0.54

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:355:LEU:HB3	1:A:356:THR:CG2	2.37	0.54
1:A:287:GLN:NE2	1:A:303:ASP:HB3	2.23	0.54
1:A:336:SER:O	1:A:337:TYR:HD1	1.90	0.54
1:A:231:HIS:N	1:A:231:HIS:CD2	2.75	0.54
1:A:261:PRO:CA	1:A:396:ASN:HD21	2.19	0.54
1:A:264:TYR:CZ	1:A:274:ASN:ND2	2.71	0.54
1:A:407:TYR:HB3	1:A:417:ALA:HB1	1.89	0.54
1:A:27:ARG:HD2	1:A:29:ILE:CD1	2.38	0.53
1:A:202:ILE:HG13	1:A:203:PRO:HD2	1.89	0.53
1:A:50:LEU:O	1:A:347:ILE:HD12	2.08	0.53
1:A:114:ARG:HB2	1:A:365:ASN:O	2.08	0.53
1:A:95:LEU:O	1:A:95:LEU:CG	2.55	0.53
1:A:54:VAL:C	1:A:55:ILE:HD12	2.33	0.53
1:A:82:ARG:CB	1:A:84:PHE:HE1	2.21	0.53
1:A:308:LYS:HZ1	1:A:331:ALA:CB	2.21	0.53
1:A:213:VAL:HG22	1:A:214:LEU:N	2.23	0.53
1:A:320:ALA:HB1	1:A:322:GLN:CD	2.32	0.53
1:A:263:VAL:HG21	1:A:384:VAL:HG21	1.90	0.53
1:A:204:TYR:CD1	1:A:205:PRO:HD2	2.42	0.53
1:A:134:PHE:CE1	1:A:236:ARG:NH1	2.76	0.53
1:A:198:HIS:O	1:A:200:PHE:N	2.34	0.52
1:A:183:LYS:HE3	1:A:183:LYS:HA	1.91	0.52
1:A:45:PHE:CG	1:A:206:LEU:HD21	2.43	0.52
1:A:307:PHE:O	1:A:402:PRO:HD3	2.08	0.52
1:A:27:ARG:HG2	1:A:29:ILE:HD11	1.92	0.52
1:A:228:LEU:C	1:A:228:LEU:HD13	2.35	0.52
1:A:314:ASN:OD1	1:A:317:TRP:N	2.43	0.52
1:A:154:GLU:OE1	1:A:154:GLU:HA	2.04	0.52
1:A:159:GLU:O	1:A:160:PRO:C	2.53	0.52
1:A:81:ASP:OD1	1:A:82:ARG:HG2	2.10	0.52
1:A:214:LEU:HD12	1:A:215:GLN:H	1.74	0.52
1:A:152:PRO:C	1:A:153:LYS:HG2	2.35	0.52
1:A:72:ILE:HD12	1:A:73:THR:N	2.20	0.52
1:A:183:LYS:HA	1:A:183:LYS:CE	2.34	0.52
1:A:266:GLY:O	1:A:267:VAL:HG23	2.08	0.52
1:A:29:ILE:CG2	1:A:30:THR:H	2.18	0.52
1:A:41:LYS:O	1:A:371:ASP:HA	2.09	0.51
1:A:140:GLY:O	1:A:142:ASN:N	2.43	0.51
1:A:321:THR:O	1:A:323:ILE:N	2.41	0.51
1:A:329:LEU:O	1:A:398:PRO:HA	2.09	0.51
1:A:150:VAL:HG21	1:A:167:ASP:HA	1.91	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:158:ASN:C	1:A:159:GLU:HG2	2.35	0.51
1:A:169:LEU:O	1:A:170:GLY:C	2.52	0.51
1:A:46:LEU:HB3	1:A:366:ASN:O	2.10	0.51
1:A:152:PRO:HD2	1:A:168:GLU:CG	2.19	0.51
1:A:150:VAL:O	1:A:209:TYR:O	2.27	0.51
1:A:135:ILE:HG23	1:A:235:ILE:CG1	2.41	0.51
1:A:135:ILE:HG23	1:A:235:ILE:HG13	1.93	0.51
1:A:383:LYS:HE3	1:A:383:LYS:CA	2.41	0.51
1:A:150:VAL:HG22	1:A:151:ARG:N	2.25	0.51
1:A:82:ARG:HH12	1:A:320:ALA:N	2.09	0.51
1:A:255:LEU:HD11	1:A:257:LYS:O	2.11	0.51
1:A:27:ARG:NE	1:A:29:ILE:HD12	2.26	0.51
1:A:141:LEU:HB2	1:A:145:THR:HG23	1.93	0.51
1:A:99:SER:OG	1:A:378:VAL:HA	2.11	0.50
1:A:147:GLY:O	1:A:210:PHE:CE1	2.64	0.50
1:A:53:VAL:HG13	1:A:55:ILE:HD11	1.93	0.50
1:A:150:VAL:CG2	1:A:168:GLU:N	2.58	0.50
1:A:181:TYR:C	1:A:183:LYS:N	2.68	0.50
1:A:72:ILE:CA	1:A:151:ARG:NH2	2.73	0.50
1:A:232:VAL:HG22	1:A:233:ASN:H	1.76	0.50
1:A:255:LEU:C	1:A:255:LEU:HD13	2.36	0.50
1:A:154:GLU:O	1:A:163:VAL:HG22	2.12	0.50
1:A:110:ALA:H	1:A:244:ILE:HD13	1.78	0.49
1:A:48:TYR:CE2	1:A:365:ASN:ND2	2.76	0.49
1:A:179:GLU:HA	1:A:182:VAL:CG2	2.42	0.49
1:A:79:PRO:HD2	1:A:85:LEU:HD23	1.94	0.49
1:A:83:PRO:HG2	1:A:318:THR:CG2	2.30	0.49
1:A:413:GLN:O	1:A:414:TYR:HB3	2.11	0.49
1:A:84:PHE:H	1:A:318:THR:CG2	2.26	0.49
1:A:133:GLN:HG2	1:A:364:LEU:CD2	2.42	0.49
1:A:176:ASN:HA	1:A:179:GLU:CB	2.43	0.49
1:A:236:ARG:HB2	1:A:236:ARG:HH11	1.74	0.49
1:A:253:LEU:HB3	1:A:324:GLU:HG3	1.94	0.49
1:A:319:ILE:N	1:A:319:ILE:HD12	2.27	0.49
1:A:339:PRO:O	1:A:340:ARG:HG3	2.13	0.49
1:A:265:THR:HG22	1:A:266:GLY:N	2.22	0.49
1:A:53:VAL:H	1:A:72:ILE:HG23	1.77	0.49
1:A:383:LYS:NZ	1:A:392:ARG:HA	2.28	0.49
1:A:74:SER:O	1:A:344:SER:OG	2.31	0.49
1:A:340:ARG:HG3	1:A:340:ARG:HH11	1.77	0.49
1:A:413:GLN:OE1	1:A:416:HIS:C	2.56	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:415:THR:O	1:A:415:THR:CG2	2.61	0.49
1:A:128:THR:CG2	1:A:129:LEU:N	2.75	0.49
1:A:309:ASP:OD1	1:A:309:ASP:N	2.45	0.49
1:A:34:ASN:HD21	1:A:377:ILE:HG23	1.78	0.49
1:A:181:TYR:C	1:A:183:LYS:H	2.21	0.49
1:A:181:TYR:HE2	1:A:208:ASN:HD21	1.61	0.49
1:A:202:ILE:CG1	1:A:203:PRO:HD2	2.43	0.49
1:A:253:LEU:N	1:A:324:GLU:HG2	2.23	0.48
1:A:28:PRO:C	1:A:29:ILE:CD1	2.86	0.48
1:A:152:PRO:CD	1:A:168:GLU:OE2	2.41	0.48
1:A:179:GLU:C	1:A:182:VAL:HG23	2.38	0.48
1:A:313:SER:O	1:A:314:ASN:O	2.31	0.48
1:A:330:HIS:NE2	1:A:395:PHE:HA	2.24	0.48
1:A:383:LYS:HB3	1:A:391:ILE:HB	1.95	0.48
1:A:391:ILE:O	1:A:392:ARG:HG2	2.14	0.48
1:A:141:LEU:HD12	1:A:141:LEU:C	2.39	0.48
1:A:147:GLY:HA3	1:A:212:LEU:HA	1.94	0.48
1:A:153:LYS:CA	1:A:165:SER:HA	2.43	0.48
1:A:27:ARG:CD	1:A:29:ILE:HD11	2.42	0.48
1:A:32:PRO:O	1:A:33:HIS:CG	2.66	0.48
1:A:46:LEU:HD12	1:A:48:TYR:OH	2.13	0.48
1:A:240:PRO:C	1:A:242:GLY:N	2.67	0.48
1:A:339:PRO:C	1:A:340:ARG:HG3	2.38	0.48
1:A:29:ILE:HD12	1:A:29:ILE:N	2.27	0.48
1:A:95:LEU:O	1:A:97:PRO:HD3	2.14	0.48
1:A:109:THR:CB	1:A:243:GLU:HA	2.44	0.48
1:A:135:ILE:CG1	1:A:136:LEU:N	2.73	0.48
2:C:6:DT:O2	2:C:6:DT:H2'	2.13	0.48
1:A:42:VAL:O	1:A:42:VAL:CG2	2.56	0.48
1:A:253:LEU:HD23	1:A:253:LEU:C	2.39	0.48
1:A:37:ILE:O	1:A:376:PHE:CD1	2.67	0.48
1:A:325:LYS:O	1:A:325:LYS:HG2	2.13	0.48
1:A:95:LEU:N	1:A:96:PRO:HD2	2.29	0.47
1:A:263:VAL:HG21	1:A:384:VAL:CG2	2.44	0.47
1:A:48:TYR:HE2	1:A:365:ASN:CG	2.21	0.47
1:A:73:THR:HG22	1:A:210:PHE:C	2.40	0.47
1:A:260:ILE:CD1	1:A:390:SER:HB2	2.44	0.47
1:A:79:PRO:O	1:A:85:LEU:CD2	2.62	0.47
1:A:134:PHE:HD1	1:A:236:ARG:NH1	2.10	0.47
1:A:130:ASN:ND2	1:A:131:GLN:N	2.59	0.47
1:A:329:LEU:HD23	1:A:398:PRO:HB3	1.96	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:379:GLU:OE2	1:A:381:ALA:HB2	2.15	0.47
2:C:7:DT:O2	2:C:7:DT:O4'	2.31	0.47
1:A:203:PRO:O	1:A:204:TYR:HB2	2.15	0.47
1:A:150:VAL:CG2	1:A:151:ARG:H	2.24	0.47
1:A:230:SER:HB3	1:A:231:HIS:HD2	1.80	0.47
1:A:42:VAL:HG12	1:A:371:ASP:CB	2.44	0.47
1:A:61:VAL:C	1:A:63:ASP:N	2.71	0.47
1:A:105:ASN:HB3	1:A:248:ASN:OD1	2.15	0.47
1:A:114:ARG:CB	1:A:365:ASN:O	2.63	0.47
1:A:137:HIS:CD2	1:A:233:ASN:HD21	2.31	0.47
1:A:110:ALA:H	1:A:244:ILE:CD1	2.28	0.47
1:A:197:ARG:HA	1:A:202:ILE:CG2	2.45	0.47
1:A:318:THR:C	1:A:319:ILE:HG13	2.40	0.46
1:A:232:VAL:HG22	1:A:233:ASN:N	2.31	0.46
1:A:352:VAL:O	1:A:353:HIS:C	2.56	0.46
1:A:78:LEU:HD22	1:A:343:PRO:HD3	1.97	0.46
1:A:150:VAL:HA	1:A:168:GLU:HB2	1.96	0.46
1:A:309:ASP:N	1:A:399:ASN:HB3	2.30	0.46
1:A:38:ILE:HA	1:A:374:ALA:O	2.16	0.46
1:A:154:GLU:C	1:A:163:VAL:HG22	2.41	0.46
1:A:42:VAL:HA	1:A:371:ASP:HA	1.98	0.46
1:A:27:ARG:HD2	1:A:29:ILE:HD13	1.98	0.46
1:A:38:ILE:HD13	1:A:38:ILE:N	2.31	0.46
1:A:55:ILE:HD12	1:A:55:ILE:N	2.31	0.46
1:A:143:ILE:HG12	1:A:144:LYS:HG2	1.98	0.46
1:A:153:LYS:CA	1:A:164:SER:O	2.61	0.46
1:A:263:VAL:HG23	1:A:263:VAL:O	2.16	0.46
1:A:77:ARG:O	1:A:77:ARG:HG3	2.13	0.46
1:A:148:VAL:CG1	1:A:412:LEU:N	2.64	0.46
1:A:325:LYS:HE2	1:A:416:HIS:HB2	1.94	0.46
1:A:345:LEU:C	1:A:345:LEU:HD23	2.40	0.46
1:A:150:VAL:O	1:A:151:ARG:HB2	2.15	0.45
1:A:108:VAL:O	1:A:109:THR:CG2	2.64	0.45
1:A:255:LEU:HD13	1:A:256:ILE:N	2.32	0.45
1:A:101:ILE:HG23	1:A:101:ILE:O	2.16	0.45
1:A:340:ARG:HH21	1:A:409:SER:CB	2.29	0.45
1:A:396:ASN:CG	1:A:397:GLY:H	2.24	0.45
1:A:108:VAL:CG2	1:A:109:THR:N	2.80	0.45
1:A:109:THR:HA	1:A:244:ILE:HD12	1.98	0.45
1:A:37:ILE:HG13	1:A:38:ILE:N	2.31	0.45
1:A:243:GLU:OE1	1:A:244:ILE:O	2.35	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:330:HIS:CE1	1:A:395:PHE:CE1	3.05	0.45
1:A:141:LEU:O	1:A:145:THR:OG1	2.32	0.45
1:A:271:VAL:O	1:A:271:VAL:CG1	2.56	0.45
1:A:330:HIS:O	1:A:331:ALA:C	2.58	0.45
1:A:414:TYR:CE2	1:A:415:THR:CB	3.00	0.45
1:A:84:PHE:HE2	1:A:181:TYR:HB3	1.82	0.45
2:C:8:DT:H2'	2:C:8:DT:O2	2.17	0.45
1:A:260:ILE:HG22	1:A:391:ILE:CA	2.28	0.45
1:A:415:THR:C	1:A:416:HIS:ND1	2.75	0.45
1:A:146:GLN:N	1:A:146:GLN:OE1	2.49	0.45
1:A:153:LYS:CB	1:A:165:SER:HA	2.46	0.45
1:A:169:LEU:HD12	1:A:169:LEU:C	2.42	0.45
1:A:253:LEU:CD1	1:A:327:GLN:HB3	2.46	0.45
1:A:53:VAL:O	1:A:72:ILE:HG22	2.17	0.45
1:A:90:ASN:O	1:A:91:GLU:C	2.59	0.45
1:A:169:LEU:O	1:A:169:LEU:HD12	2.17	0.45
1:A:214:LEU:CD2	1:A:216:GLN:CD	2.90	0.45
1:A:261:PRO:O	1:A:391:ILE:CG2	2.65	0.45
1:A:413:GLN:OE1	1:A:417:ALA:N	2.50	0.45
1:A:37:ILE:CD1	1:A:38:ILE:H	2.26	0.44
1:A:72:ILE:CD1	1:A:73:THR:N	2.79	0.44
1:A:90:ASN:O	1:A:94:GLN:HB2	2.17	0.44
1:A:250:LYS:O	1:A:251:PRO:C	2.60	0.44
1:A:327:GLN:NE2	1:A:327:GLN:HA	2.31	0.44
1:A:330:HIS:NE2	1:A:395:PHE:CD1	2.85	0.44
1:A:111:PHE:CB	1:A:240:PRO:HA	2.48	0.44
1:A:148:VAL:HG12	1:A:412:LEU:H	1.76	0.44
1:A:375:TYR:O	1:A:376:PHE:CB	2.54	0.44
1:A:392:ARG:HB3	1:A:396:ASN:OD1	2.18	0.44
1:A:140:GLY:O	1:A:142:ASN:OD1	2.36	0.44
1:A:289:ARG:CB	1:A:302:GLY:CA	2.95	0.44
1:A:290:THR:HG22	1:A:291:ALA:N	2.32	0.44
1:A:320:ALA:O	1:A:323:ILE:HG12	2.17	0.44
1:A:27:ARG:CG	1:A:29:ILE:HD11	2.48	0.44
1:A:158:ASN:ND2	1:A:360:LEU:HD21	2.32	0.44
1:A:202:ILE:CD1	1:A:203:PRO:HD2	2.47	0.44
1:A:51:ALA:HB2	1:A:161:MET:SD	2.58	0.44
1:A:117:PHE:O	1:A:117:PHE:CG	2.70	0.44
1:A:213:VAL:HG22	1:A:214:LEU:H	1.82	0.44
1:A:262:ALA:CB	1:A:393:PRO:C	2.88	0.44
1:A:72:ILE:CG2	1:A:151:ARG:HH22	2.24	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:96:PRO:HD2	1:A:257:LYS:HE2	2.00	0.44
1:A:261:PRO:O	1:A:391:ILE:HG23	2.17	0.44
1:A:280:PRO:HB2	1:A:282:GLY:N	2.33	0.44
1:A:88:ASN:HB3	1:A:91:GLU:OE2	2.17	0.44
1:A:167:ASP:CG	1:A:169:LEU:HD21	2.42	0.43
1:A:72:ILE:CA	1:A:151:ARG:HH12	2.30	0.43
1:A:78:LEU:HD22	1:A:343:PRO:CD	2.48	0.43
1:A:108:VAL:C	1:A:109:THR:HG22	2.43	0.43
1:A:140:GLY:CA	1:A:340:ARG:O	2.65	0.43
1:A:40:ASN:OD1	1:A:40:ASN:N	2.51	0.43
1:A:108:VAL:O	1:A:109:THR:HG23	2.18	0.43
1:A:287:GLN:HA	1:A:304:SER:O	2.17	0.43
1:A:108:VAL:C	1:A:109:THR:CG2	2.91	0.43
1:A:202:ILE:HD12	1:A:203:PRO:HD2	2.00	0.43
1:A:339:PRO:O	1:A:339:PRO:HD2	2.17	0.43
1:A:88:ASN:HB2	1:A:91:GLU:CG	2.45	0.43
1:A:102:GLU:O	1:A:251:PRO:HD2	2.18	0.43
1:A:217:ASN:O	1:A:218:GLY:C	2.62	0.43
1:A:336:SER:C	1:A:337:TYR:CD1	2.95	0.43
1:A:338:THR:HG23	1:A:340:ARG:HH12	1.80	0.43
1:A:311:VAL:CG2	1:A:327:GLN:NE2	2.82	0.43
1:A:46:LEU:N	1:A:204:TYR:O	2.52	0.43
1:A:378:VAL:O	1:A:379:GLU:HG2	2.19	0.43
1:A:416:HIS:O	1:A:417:ALA:C	2.62	0.43
1:A:40:ASN:O	1:A:41:LYS:HD3	2.18	0.43
1:A:72:ILE:HA	1:A:211:ALA:HB2	2.01	0.43
1:A:85:LEU:HB3	1:A:86:TYR:HD1	1.84	0.43
1:A:57:ILE:C	1:A:67:VAL:HG13	2.44	0.43
1:A:135:ILE:HG22	1:A:235:ILE:HB	2.00	0.43
1:A:311:VAL:HG12	1:A:312:VAL:N	2.34	0.43
1:A:38:ILE:N	1:A:38:ILE:CD1	2.81	0.42
1:A:54:VAL:HA	1:A:70:PHE:O	2.19	0.42
1:A:77:ARG:HG2	1:A:208:ASN:HD22	1.83	0.42
1:A:158:ASN:O	1:A:159:GLU:CG	2.65	0.42
1:A:79:PRO:HB2	1:A:85:LEU:HB2	2.01	0.42
1:A:64:VAL:C	1:A:65:THR:OG1	2.62	0.42
1:A:76:GLY:O	1:A:342:GLN:CB	2.67	0.42
1:A:24:PRO:C	1:A:25:ILE:HD13	2.44	0.42
1:A:51:ALA:CB	1:A:161:MET:SD	3.08	0.42
1:A:140:GLY:CA	1:A:142:ASN:OD1	2.67	0.42
1:A:210:PHE:CG	1:A:211:ALA:N	2.88	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:73:THR:C	1:A:75:LEU:H	2.27	0.42
1:A:85:LEU:HB3	1:A:86:TYR:CD1	2.55	0.42
1:A:156:GLN:HG2	1:A:157:ALA:N	2.22	0.42
1:A:388:TYR:HB3	1:A:389:PRO:HA	2.01	0.42
1:A:82:ARG:HH12	1:A:319:ILE:C	2.27	0.42
1:A:147:GLY:O	1:A:210:PHE:HE1	2.03	0.42
1:A:256:ILE:O	1:A:257:LYS:CD	2.68	0.42
1:A:159:GLU:CD	1:A:160:PRO:HD2	2.39	0.42
1:A:328:ILE:CD1	1:A:399:ASN:HD22	2.32	0.42
1:A:328:ILE:O	1:A:398:PRO:CA	2.68	0.42
1:A:37:ILE:CG1	1:A:38:ILE:N	2.82	0.42
1:A:77:ARG:O	1:A:206:LEU:HD13	2.19	0.42
1:A:77:ARG:HD2	1:A:178:PHE:CE1	2.55	0.42
1:A:79:PRO:O	1:A:85:LEU:HD23	2.19	0.42
1:A:108:VAL:O	1:A:369:PHE:C	2.63	0.42
1:A:128:THR:HG22	1:A:129:LEU:H	1.83	0.42
1:A:175:GLU:OE2	1:A:319:ILE:HG12	2.20	0.42
1:A:77:ARG:CG	1:A:208:ASN:HD22	2.33	0.41
1:A:197:ARG:HA	1:A:197:ARG:HD2	1.75	0.41
1:A:345:LEU:CD2	1:A:345:LEU:N	2.64	0.41
1:A:334:PHE:CZ	2:C:7:DT:C2'	2.90	0.41
1:A:71:VAL:C	1:A:151:ARG:NH1	2.68	0.41
1:A:106:VAL:CG2	1:A:247:TYR:HB3	2.49	0.41
1:A:117:PHE:O	1:A:117:PHE:CD2	2.73	0.41
1:A:47:THR:O	1:A:48:TYR:CG	2.73	0.41
1:A:53:VAL:CG1	1:A:162:VAL:HG13	2.50	0.41
1:A:95:LEU:O	1:A:97:PRO:HD2	2.21	0.41
1:A:142:ASN:ND2	1:A:143:ILE:CG2	2.76	0.41
1:A:153:LYS:HA	1:A:165:SER:HA	2.01	0.41
1:A:45:PHE:CB	1:A:206:LEU:HD21	2.48	0.41
1:A:73:THR:C	1:A:75:LEU:N	2.76	0.41
1:A:82:ARG:HH11	1:A:82:ARG:CB	2.32	0.41
1:A:88:ASN:HA	1:A:89:PRO:HD2	1.65	0.41
1:A:244:ILE:CG2	1:A:245:VAL:H	2.27	0.41
1:A:147:GLY:CA	1:A:212:LEU:HD23	2.50	0.41
1:A:167:ASP:HB3	1:A:169:LEU:HG	2.03	0.41
1:A:330:HIS:CE1	1:A:395:PHE:CZ	3.08	0.41
1:A:143:ILE:CD1	1:A:144:LYS:N	2.84	0.41
1:A:318:THR:C	1:A:319:ILE:CG1	2.94	0.41
1:A:141:LEU:C	1:A:141:LEU:CD1	2.94	0.41
1:A:197:ARG:HA	1:A:202:ILE:HG22	2.03	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:291:ALA:CB	1:A:300:LEU:HB2	2.45	0.41
1:A:369:PHE:C	1:A:369:PHE:CD1	2.99	0.41
1:A:73:THR:CG2	1:A:75:LEU:HB2	2.51	0.41
1:A:182:VAL:O	1:A:182:VAL:HG12	2.19	0.41
1:A:26:PRO:O	1:A:28:PRO:CD	2.62	0.40
1:A:45:PHE:C	1:A:46:LEU:HD23	2.45	0.40
1:A:114:ARG:CA	1:A:365:ASN:O	2.66	0.40
1:A:168:GLU:OE2	1:A:208:ASN:HA	2.21	0.40
1:A:228:LEU:O	1:A:229:GLN:C	2.64	0.40
1:A:329:LEU:O	1:A:397:GLY:O	2.39	0.40
1:A:28:PRO:C	1:A:29:ILE:CG1	2.94	0.40
1:A:53:VAL:O	1:A:71:VAL:HA	2.20	0.40
1:A:308:LYS:NZ	1:A:331:ALA:HB2	2.33	0.40
1:A:96:PRO:HG2	1:A:257:LYS:HD3	2.03	0.40
1:A:104:CYS:HA	1:A:373:GLN:O	2.22	0.40
1:A:184:GLU:HA	1:A:197:ARG:HB2	2.02	0.40
1:A:198:HIS:C	1:A:200:PHE:N	2.79	0.40
1:A:302:GLY:O	1:A:303:ASP:CG	2.64	0.40
1:A:46:LEU:HD23	1:A:46:LEU:N	2.37	0.40
1:A:198:HIS:CG	1:A:199:GLN:H	2.40	0.40
1:A:226:GLU:OE1	1:A:226:GLU:N	2.55	0.40

There are no symmetry-related clashes.

5.3 Torsion angles [i](#)

5.3.1 Protein backbone [i](#)

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

The Analysed column shows the number of residues for which the backbone conformation was analysed, and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles
1	A	369/428 (86%)	254 (69%)	89 (24%)	26 (7%)	1 10

All (26) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	26	PRO
1	A	95	LEU
1	A	159	GLU
1	A	28	PRO
1	A	182	VAL
1	A	232	VAL
1	A	339	PRO
1	A	343	PRO
1	A	240	PRO
1	A	351	PRO
1	A	37	ILE
1	A	256	ILE
1	A	298	ASN
1	A	89	PRO
1	A	205	PRO
1	A	261	PRO
1	A	141	LEU
1	A	96	PRO
1	A	268	PRO
1	A	279	CYS
1	A	335	PRO
1	A	32	PRO
1	A	323	ILE
1	A	196	PRO
1	A	347	ILE
1	A	61	VAL

5.3.2 Protein sidechains ⓘ

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

The Analysed column shows the number of residues for which the sidechain conformation was analysed, and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles
1	A	327/364 (90%)	259 (79%)	68 (21%)	1 6

All (68) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	23	ILE

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	27	ARG
1	A	34	ASN
1	A	35	ASN
1	A	38	ILE
1	A	46	LEU
1	A	54	VAL
1	A	57	ILE
1	A	58	THR
1	A	64	VAL
1	A	65	THR
1	A	77	ARG
1	A	78	LEU
1	A	80	VAL
1	A	82	ARG
1	A	85	LEU
1	A	86	TYR
1	A	87	MET
1	A	94	GLN
1	A	112	THR
1	A	115	ILE
1	A	130	ASN
1	A	136	LEU
1	A	141	LEU
1	A	143	ILE
1	A	148	VAL
1	A	149	ASP
1	A	150	VAL
1	A	164	SER
1	A	183	LYS
1	A	191	VAL
1	A	208	ASN
1	A	214	LEU
1	A	226	GLU
1	A	231	HIS
1	A	235	ILE
1	A	236	ARG
1	A	243	GLU
1	A	244	ILE
1	A	256	ILE
1	A	276	THR
1	A	279	CYS
1	A	289	ARG

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	308	LYS
1	A	312	VAL
1	A	314	ASN
1	A	317	TRP
1	A	319	ILE
1	A	325	LYS
1	A	329	LEU
1	A	336	SER
1	A	342	GLN
1	A	345	LEU
1	A	350	LYS
1	A	355	LEU
1	A	357	THR
1	A	360	LEU
1	A	366	ASN
1	A	378	VAL
1	A	385	ARG
1	A	388	TYR
1	A	391	ILE
1	A	392	ARG
1	A	393	PRO
1	A	394	LEU
1	A	403	ASP
1	A	407	TYR
1	A	416	HIS

Sometimes sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (21) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	34	ASN
1	A	35	ASN
1	A	90	ASN
1	A	94	GLN
1	A	130	ASN
1	A	137	HIS
1	A	156	GLN
1	A	158	ASN
1	A	198	HIS
1	A	208	ASN
1	A	231	HIS
1	A	233	ASN
1	A	252	GLN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	274	ASN
1	A	285	ASN
1	A	297	ASN
1	A	314	ASN
1	A	327	GLN
1	A	330	HIS
1	A	399	ASN
1	A	405	GLN

5.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

5.5 Carbohydrates [i](#)

There are no oligosaccharides in this entry.

5.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

5.7 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

6 Fit of model and data [i](#)

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

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

Mol	Chain	Analysed	<RSRZ>	#RSRZ>2	OWAB(Å ²)	Q<0.9
1	A	379/428 (88%)	0.32	10 (2%) 57 33	20, 55, 86, 97	0
2	C	3/3 (100%)	0.49	0 100 100	65, 65, 82, 91	0
All	All	382/431 (88%)	0.32	10 (2%) 57 33	20, 55, 86, 97	0

All (10) RSRZ outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	RSRZ
1	A	33	HIS	3.2
1	A	175	GLU	2.8
1	A	65	THR	2.8
1	A	252	GLN	2.5
1	A	373	GLN	2.4
1	A	174	ASP	2.4
1	A	385	ARG	2.2
1	A	361	ASP	2.2
1	A	301	ARG	2.1
1	A	91	GLU	2.0

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

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

6.3 Carbohydrates [i](#)

There are no oligosaccharides in this entry.

6.4 Ligands [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.5 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.