



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Mar 7, 2026 – 01:23 AM UTC

PDB ID : 2QMV / pdb_00002qmv
Title : High Resolution Structure of Peroxisome Proliferation-Activated Receptor gamma and Characterisation of its Interaction with the Co-activator Transcriptional Intermediary Factor 2
Authors : Hartl, R.; Riepl, H.; Kauschke, S.; Kalbitzer, H.R.; Maurer, T.
Deposited on : 2007-07-17

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

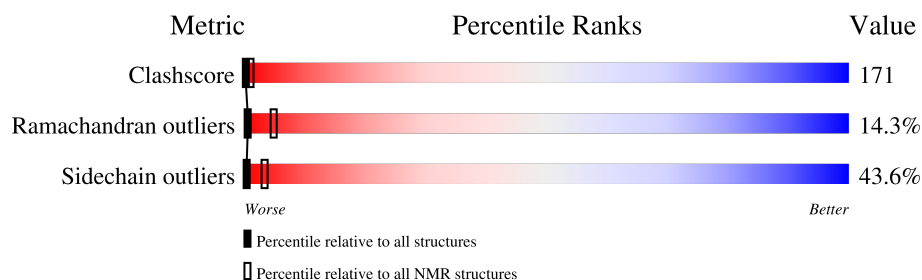
1 Overall quality at a glance

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	270	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 9 models. Model 7 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *fewest violations*.

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:210-A:239, A:246-A:249, A:276-A:341, A:346-A:473 (228)	1.04	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 2 clusters and 5 single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	7, 8
2	1, 4
Single-model clusters	2; 3; 5; 6; 9

3 Entry composition [i](#)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 4441 atoms, of which 2276 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Peroxisome proliferator-activated receptor gamma.

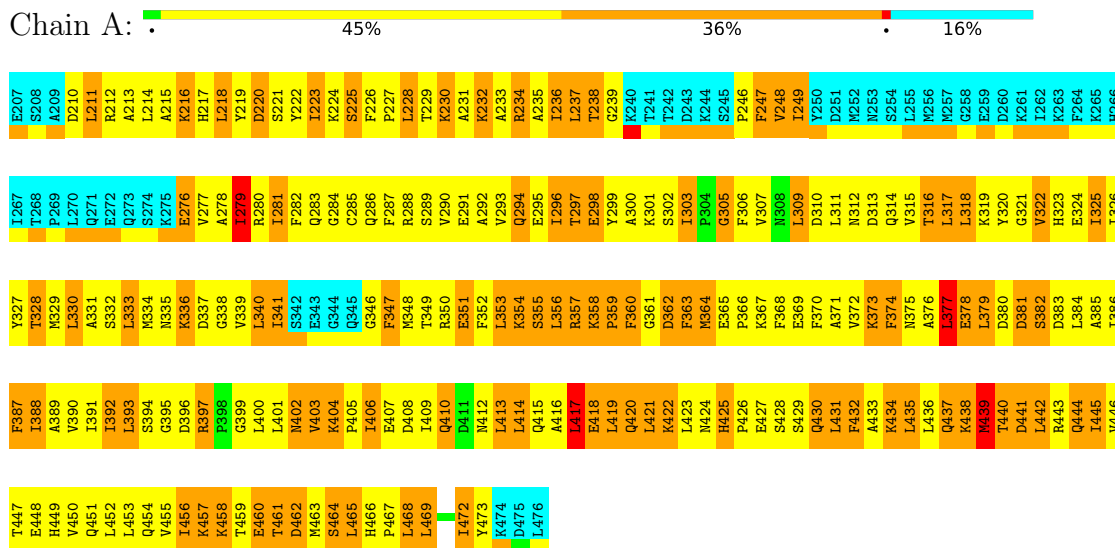
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	270	Total	C	H	N	O	S	0
			4441	1397	2276	354	404	10	

4 Residue-property plots

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: Peroxisome proliferator-activated receptor gamma

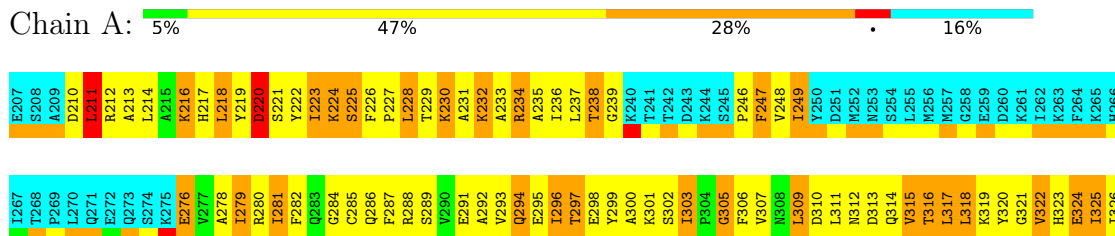


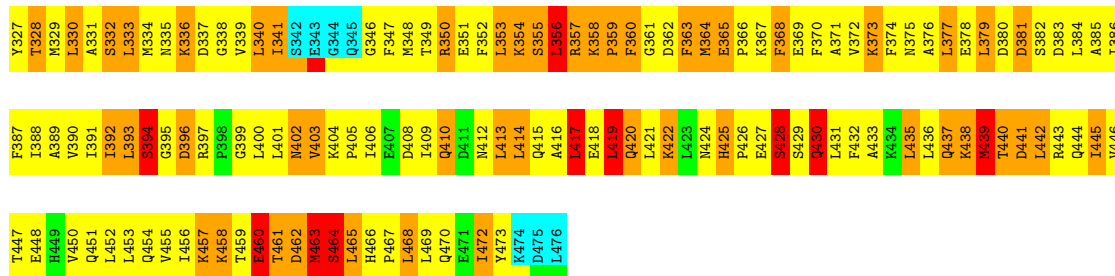
4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

4.2.1 Score per residue for model 1

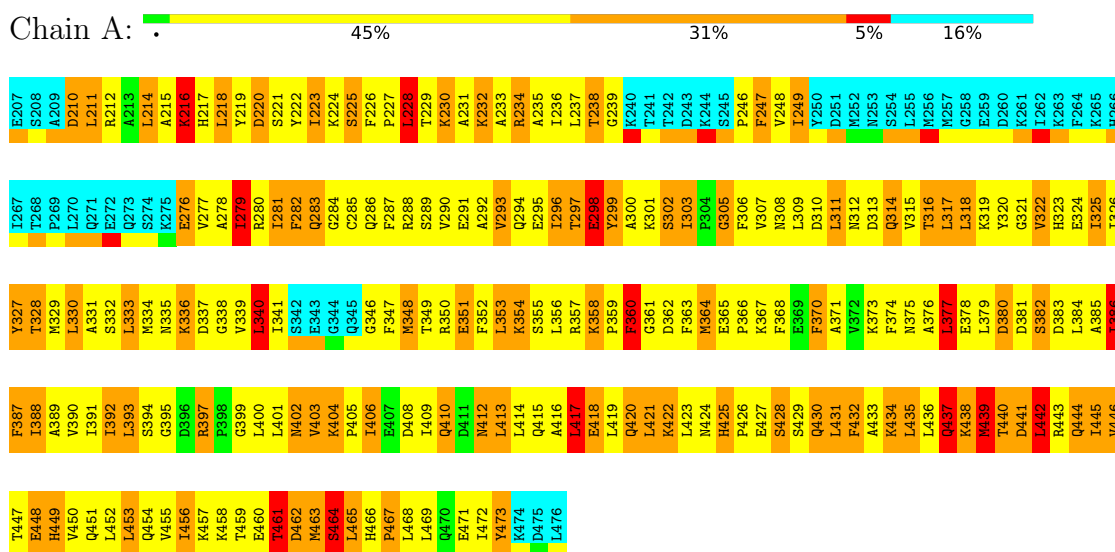
- Molecule 1: Peroxisome proliferator-activated receptor gamma





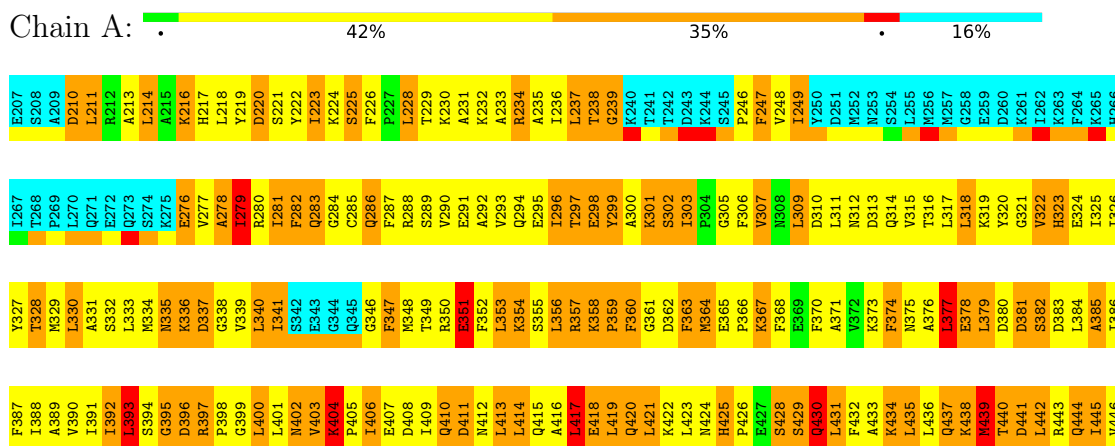
4.2.2 Score per residue for model 2

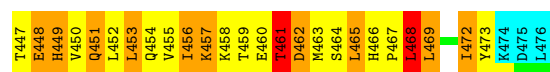
- Molecule 1: Peroxisome proliferator-activated receptor gamma



4.2.3 Score per residue for model 3

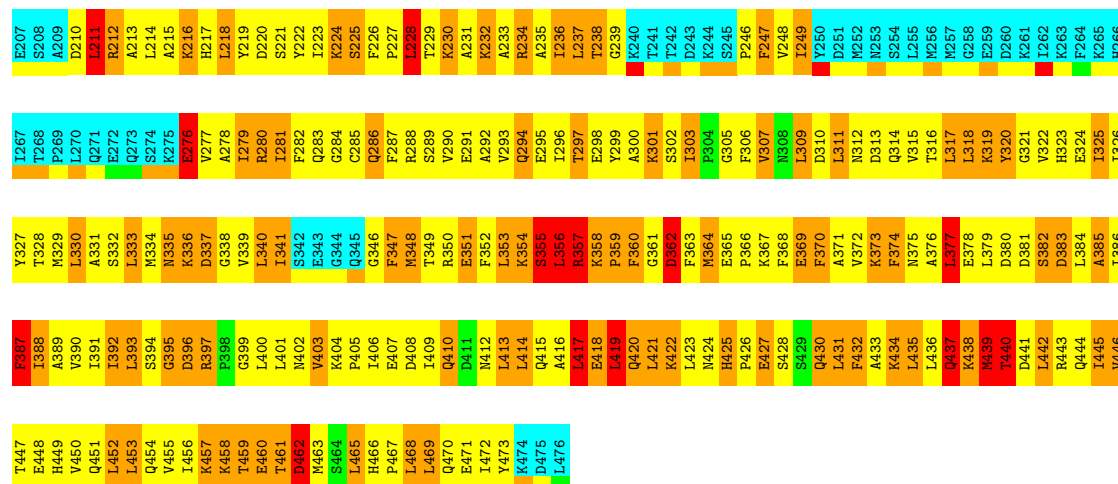
- Molecule 1: Peroxisome proliferator-activated receptor gamma





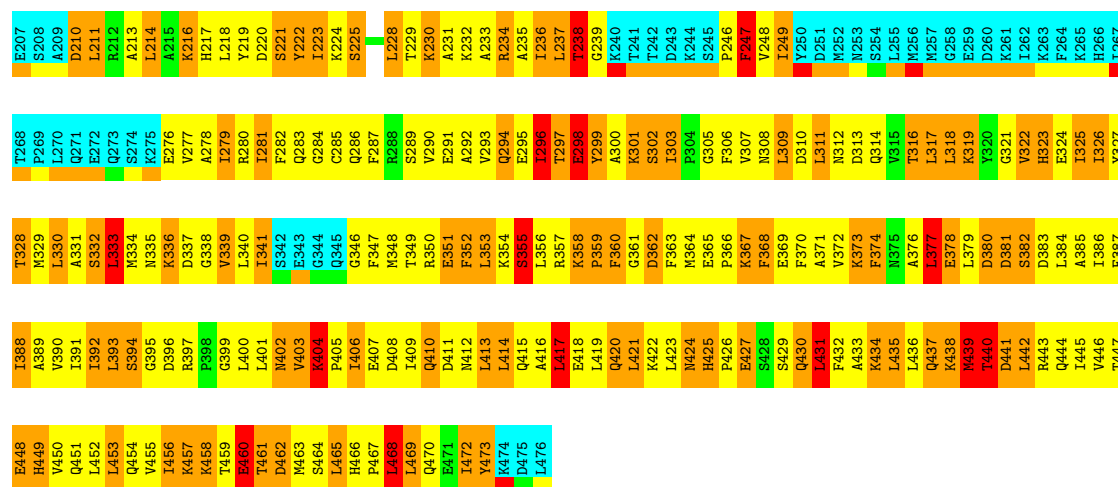
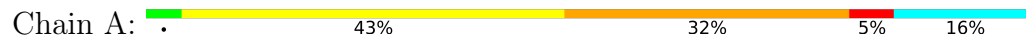
4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: Peroxisome proliferator-activated receptor gamma



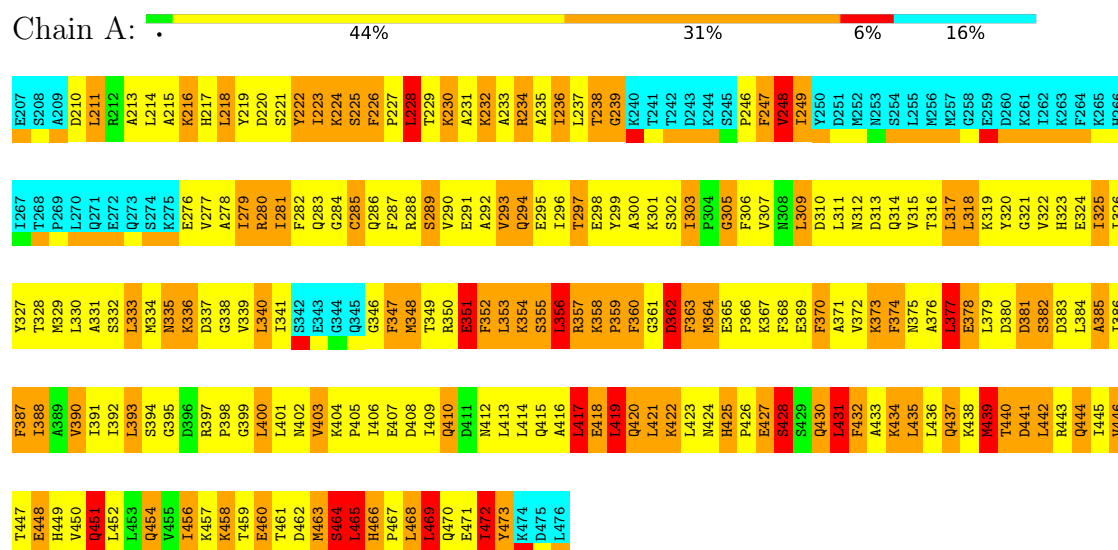
4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: Peroxisome proliferator-activated receptor gamma



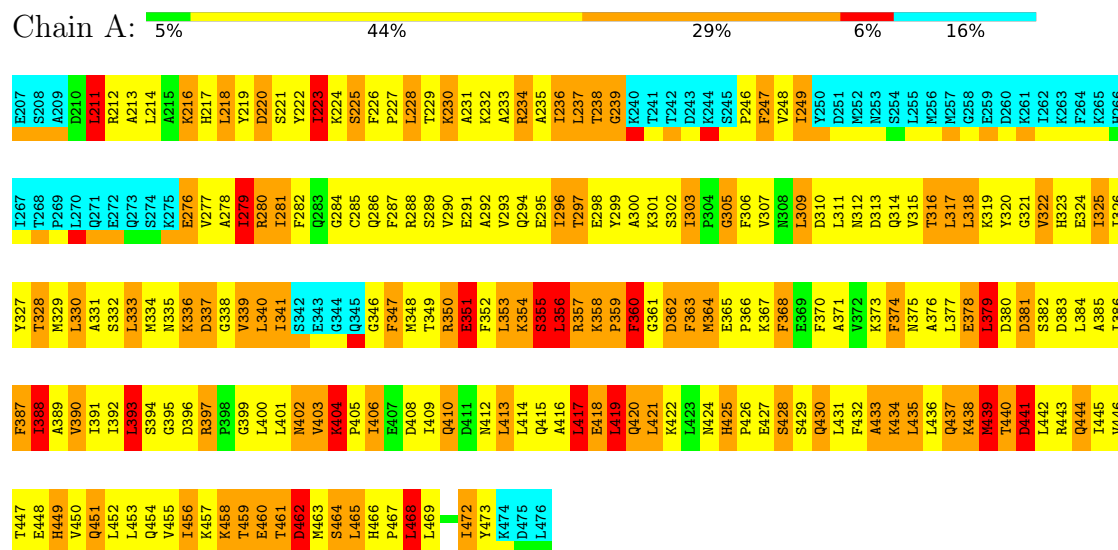
4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: Peroxisome proliferator-activated receptor gamma



4.2.7 Score per residue for model 7 (medoid)

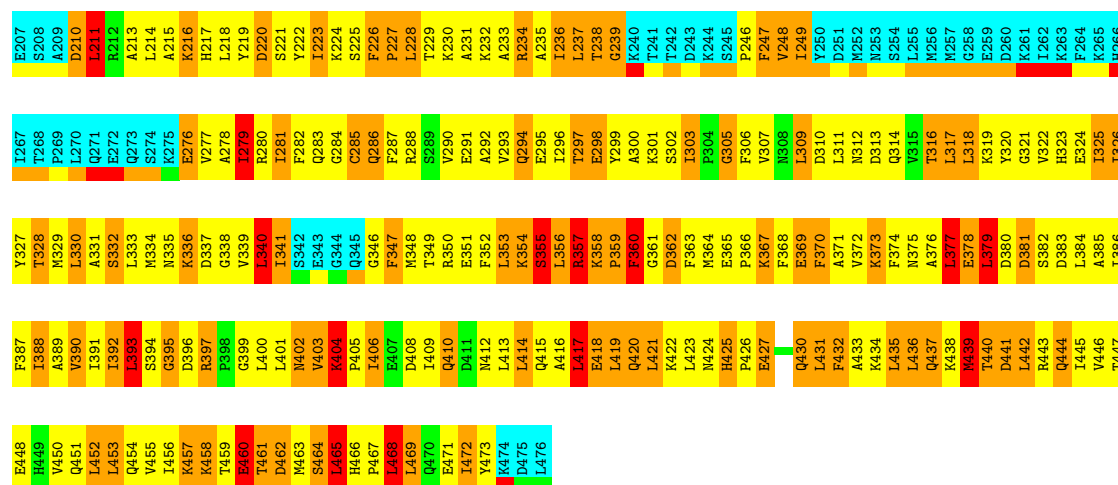
- Molecule 1: Peroxisome proliferator-activated receptor gamma



4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: Peroxisome proliferator-activated receptor gamma

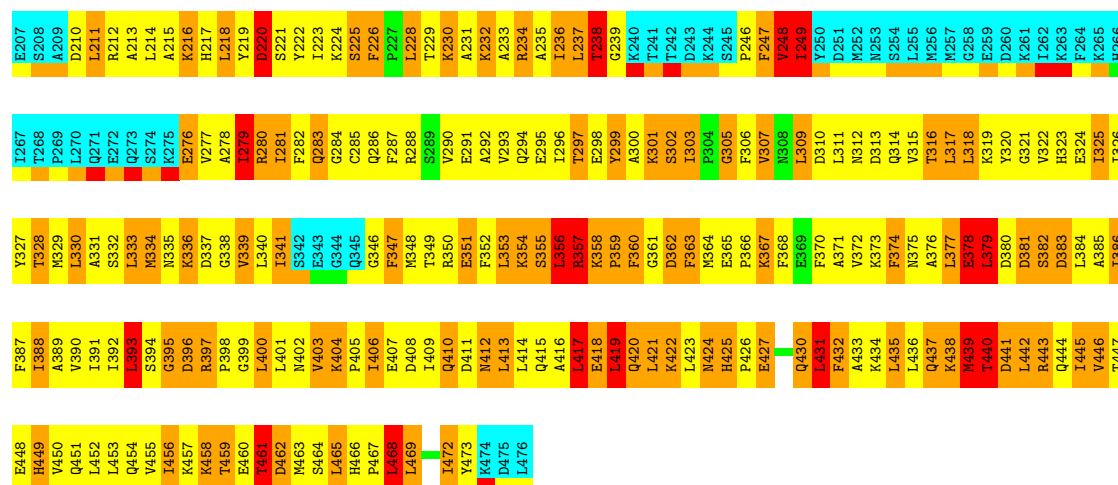




4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: Peroxisome proliferator-activated receptor gamma

Chain A: 42% 33% 6% 16%



5 Refinement protocol and experimental data overview ⓘ

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

Of the 1024 calculated structures, 9 were deposited, based on the following criterion: *structures with the lowest energy*.

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

Software name	Classification	Version
DYANA	structure solution	1.5
DYANA	refinement	1.5

No chemical shift data was provided.

6 Model quality [i](#)

6.1 Standard geometry [i](#)

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	#Z>5	RMSZ	#Z>5
1	A	0.72±0.00	0±0/1865 (0.0± 0.0%)	1.07±0.01	1±1/2520 (0.0± 0.0%)
All	All	0.72	0/16785 (0.0%)	1.07	6/22680 (0.0%)

There are no bond-length outliers.

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

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	404	LYS	O-C-N	5.26	124.54	120.38	3	5
1	A	247	PHE	CB-CA-C	-5.12	109.01	116.53	9	1

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

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	1831	1935	1901	636±39
All	All	16479	17415	17109	5727

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 171.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:402:ASN:O	1:A:406:ILE:CD1	1.28	1.80	4	8
1:A:221:SER:O	1:A:299:TYR:CD2	1.26	1.88	5	1
1:A:402:ASN:O	1:A:405:PRO:HD2	1.26	1.24	4	8
1:A:402:ASN:O	1:A:406:ILE:HD13	1.22	1.34	2	3
1:A:359:PRO:O	1:A:361:GLY:N	1.16	1.78	2	9
1:A:331:ALA:HB2	1:A:370:PHE:CE2	1.14	1.77	8	5
1:A:211:LEU:HD12	1:A:419:LEU:HD22	1.12	1.13	3	2
1:A:300:ALA:O	1:A:302:SER:N	1.12	1.83	5	9
1:A:235:ALA:O	1:A:239:GLY:N	1.11	1.81	9	9
1:A:360:PHE:CE1	1:A:456:ILE:HD13	1.10	1.79	6	1
1:A:389:ALA:HB1	1:A:413:LEU:HD13	1.10	1.15	3	6
1:A:249:ILE:O	1:A:348:MET:HA	1.09	1.47	9	1
1:A:211:LEU:HD22	1:A:419:LEU:HD11	1.09	1.24	8	3
1:A:323:HIS:CD2	1:A:446:VAL:HG21	1.09	1.81	3	2
1:A:211:LEU:HD22	1:A:419:LEU:CD1	1.08	1.78	1	4
1:A:317:LEU:HD23	1:A:318:LEU:N	1.08	1.62	9	1
1:A:402:ASN:O	1:A:406:ILE:CG1	1.07	2.02	9	7
1:A:322:VAL:HG22	1:A:326:ILE:HD11	1.06	1.16	3	6
1:A:379:LEU:HD21	1:A:435:LEU:HD11	1.06	1.17	3	1
1:A:393:LEU:HD23	1:A:413:LEU:HD11	1.06	1.19	9	6
1:A:223:ILE:HD13	1:A:223:ILE:O	1.05	1.51	3	1
1:A:363:PHE:CD2	1:A:452:LEU:HD13	1.03	1.87	8	1
1:A:318:LEU:HD23	1:A:322:VAL:HG12	1.02	1.18	5	1
1:A:316:THR:HG22	1:A:399:GLY:O	1.02	1.53	3	1
1:A:233:ALA:HB2	1:A:333:LEU:HD12	1.02	1.27	1	3
1:A:456:ILE:O	1:A:460:GLU:N	1.01	1.93	3	9
1:A:421:LEU:HD11	1:A:431:LEU:HD11	1.01	1.24	3	1
1:A:231:ALA:O	1:A:235:ALA:HB2	1.01	1.55	5	7
1:A:313:ASP:OD2	1:A:406:ILE:HD11	1.01	1.53	4	6
1:A:445:ILE:HG22	1:A:449:HIS:CE1	1.01	1.90	6	1
1:A:417:LEU:C	1:A:417:LEU:HD22	1.00	1.78	1	9
1:A:339:VAL:O	1:A:341:ILE:HG23	1.00	1.55	9	8
1:A:370:PHE:CG	1:A:445:ILE:HD11	1.00	1.91	5	4
1:A:356:LEU:HD12	1:A:361:GLY:HA2	0.99	1.29	6	3
1:A:325:ILE:HD12	1:A:391:ILE:HG22	0.99	1.34	4	8
1:A:248:VAL:HG13	1:A:347:PHE:CZ	0.99	1.92	8	3
1:A:387:PHE:O	1:A:390:VAL:HG22	0.99	1.55	6	1
1:A:465:LEU:HD23	1:A:469:LEU:HD13	0.99	1.31	4	4
1:A:214:LEU:HD23	1:A:416:ALA:HB2	0.98	1.30	6	4
1:A:233:ALA:HB1	1:A:340:LEU:HD23	0.98	1.32	3	3
1:A:248:VAL:HG23	1:A:347:PHE:CZ	0.98	1.93	5	4
1:A:318:LEU:HD23	1:A:322:VAL:HG22	0.98	1.34	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:218:LEU:HD21	1:A:413:LEU:HD22	0.98	1.29	5	1
1:A:402:ASN:O	1:A:405:PRO:CD	0.98	2.10	6	5
1:A:453:LEU:HD13	1:A:453:LEU:C	0.98	1.84	4	1
1:A:327:TYR:CD2	1:A:446:VAL:HG22	0.98	1.94	3	8
1:A:313:ASP:OD1	1:A:400:LEU:HD23	0.98	1.58	6	1
1:A:374:PHE:CZ	1:A:442:LEU:HD23	0.97	1.95	1	2
1:A:393:LEU:HD23	1:A:413:LEU:CD1	0.97	1.89	9	4
1:A:402:ASN:O	1:A:406:ILE:HG13	0.97	1.56	9	6
1:A:219:TYR:CE1	1:A:382:SER:HA	0.97	1.94	2	2
1:A:300:ALA:C	1:A:302:SER:H	0.97	1.68	5	9
1:A:235:ALA:O	1:A:239:GLY:CA	0.96	2.12	9	9
1:A:466:HIS:HB2	1:A:467:PRO:HD2	0.96	1.36	7	8
1:A:296:ILE:O	1:A:300:ALA:N	0.96	1.98	5	9
1:A:218:LEU:HD12	1:A:386:ILE:HG23	0.96	1.35	3	1
1:A:281:ILE:HD11	1:A:352:PHE:CZ	0.96	1.95	1	1
1:A:402:ASN:O	1:A:406:ILE:HD12	0.96	1.55	6	3
1:A:379:LEU:HD11	1:A:435:LEU:CD1	0.96	1.89	3	2
1:A:237:LEU:HD13	1:A:340:LEU:HD21	0.95	1.38	9	5
1:A:387:PHE:CD1	1:A:388:ILE:N	0.94	2.35	7	3
1:A:248:VAL:HG22	1:A:347:PHE:H	0.94	1.22	9	1
1:A:234:ARG:CZ	1:A:332:SER:O	0.94	2.14	9	9
1:A:370:PHE:CD2	1:A:445:ILE:HD11	0.94	1.98	7	4
1:A:355:SER:O	1:A:356:LEU:HD23	0.94	1.62	3	5
1:A:402:ASN:C	1:A:405:PRO:HD2	0.94	1.87	6	9
1:A:221:SER:C	1:A:299:TYR:CE2	0.94	2.45	5	1
1:A:466:HIS:HB2	1:A:467:PRO:CD	0.94	1.93	7	8
1:A:313:ASP:OD1	1:A:406:ILE:HD11	0.93	1.63	3	5
1:A:221:SER:HA	1:A:299:TYR:CZ	0.93	1.98	5	1
1:A:324:GLU:HA	1:A:327:TYR:CE1	0.93	1.98	2	1
1:A:219:TYR:CE1	1:A:223:ILE:HD13	0.93	1.98	5	3
1:A:219:TYR:CE2	1:A:382:SER:HA	0.93	1.98	4	1
1:A:322:VAL:HG22	1:A:326:ILE:CD1	0.93	1.94	3	3
1:A:211:LEU:CD1	1:A:419:LEU:HD11	0.92	1.94	7	1
1:A:219:TYR:CE1	1:A:385:ALA:HB3	0.92	1.99	2	1
1:A:365:GLU:N	1:A:366:PRO:CD	0.92	2.30	8	9
1:A:378:GLU:O	1:A:379:LEU:HD23	0.92	1.64	5	2
1:A:281:ILE:HD11	1:A:352:PHE:CE2	0.92	1.99	3	1
1:A:334:MET:HE3	1:A:368:PHE:N	0.92	1.78	5	2
1:A:300:ALA:HB1	1:A:306:PHE:CE2	0.92	1.99	6	4
1:A:235:ALA:O	1:A:239:GLY:C	0.92	2.12	4	5
1:A:417:LEU:HD11	1:A:432:PHE:HB2	0.91	1.41	7	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:466:HIS:CG	1:A:467:PRO:HD2	0.91	2.00	6	1
1:A:303:ILE:CG2	1:A:413:LEU:HD21	0.90	1.96	8	5
1:A:363:PHE:CG	1:A:452:LEU:HD11	0.90	2.02	2	1
1:A:211:LEU:HA	1:A:419:LEU:HD21	0.90	1.42	9	2
1:A:369:GLU:O	1:A:372:VAL:HG12	0.90	1.66	4	3
1:A:393:LEU:CD2	1:A:413:LEU:HD11	0.90	1.96	9	4
1:A:227:PRO:O	1:A:229:THR:HG23	0.89	1.67	8	4
1:A:249:ILE:HG21	1:A:348:MET:HE2	0.89	1.45	3	2
1:A:246:PRO:O	1:A:248:VAL:N	0.89	2.05	8	8
1:A:309:LEU:HD11	1:A:393:LEU:HD11	0.89	1.43	2	1
1:A:353:LEU:O	1:A:361:GLY:O	0.89	1.90	3	1
1:A:317:LEU:O	1:A:321:GLY:N	0.89	2.06	2	9
1:A:356:LEU:HB2	1:A:361:GLY:CA	0.88	1.98	2	2
1:A:326:ILE:HG22	1:A:330:LEU:CD2	0.88	1.98	1	1
1:A:350:ARG:CZ	1:A:365:GLU:OE2	0.88	2.22	3	9
1:A:444:GLN:O	1:A:447:THR:HG22	0.88	1.68	5	9
1:A:328:THR:HG21	1:A:387:PHE:CE1	0.88	2.04	7	2
1:A:296:ILE:HG21	1:A:318:LEU:HD21	0.88	1.44	6	6
1:A:331:ALA:HA	1:A:371:ALA:HB2	0.88	1.44	2	9
1:A:326:ILE:HG22	1:A:330:LEU:HD22	0.87	1.44	1	1
1:A:327:TYR:CE2	1:A:442:LEU:HB3	0.87	2.04	2	1
1:A:402:ASN:C	1:A:406:ILE:HD12	0.87	1.95	1	1
1:A:211:LEU:HD13	1:A:419:LEU:HD21	0.87	1.46	6	4
1:A:222:TYR:CD1	1:A:299:TYR:CD2	0.87	2.63	3	3
1:A:318:LEU:HD23	1:A:322:VAL:CG1	0.87	2.00	5	1
1:A:379:LEU:CD2	1:A:435:LEU:HD11	0.87	1.99	3	1
1:A:318:LEU:HD23	1:A:322:VAL:CG2	0.87	2.00	4	2
1:A:392:ILE:HG22	1:A:393:LEU:HD23	0.86	1.46	4	2
1:A:312:ASN:O	1:A:316:THR:N	0.86	2.09	3	4
1:A:466:HIS:CE1	1:A:467:PRO:O	0.86	2.28	6	1
1:A:378:GLU:C	1:A:379:LEU:HD22	0.86	1.95	2	2
1:A:323:HIS:CD2	1:A:446:VAL:HG11	0.86	2.05	5	1
1:A:211:LEU:CD2	1:A:419:LEU:HD11	0.86	2.00	1	4
1:A:326:ILE:O	1:A:330:LEU:HB2	0.85	1.69	1	9
1:A:318:LEU:HD11	1:A:392:ILE:HD11	0.85	1.47	2	1
1:A:233:ALA:CB	1:A:333:LEU:HD12	0.85	2.01	1	3
1:A:334:MET:HE2	1:A:367:LYS:C	0.85	1.95	9	3
1:A:325:ILE:CD1	1:A:391:ILE:HG22	0.85	2.00	1	9
1:A:316:THR:HG21	1:A:399:GLY:C	0.85	1.96	8	5
1:A:328:THR:N	1:A:442:LEU:HD11	0.85	1.87	7	6
1:A:322:VAL:CG2	1:A:326:ILE:HD11	0.85	1.99	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:348:MET:HE1	1:A:352:PHE:HB3	0.85	1.49	6	1
1:A:300:ALA:HB1	1:A:306:PHE:CD2	0.85	2.07	3	3
1:A:323:HIS:CG	1:A:446:VAL:HG11	0.85	2.07	5	2
1:A:237:LEU:CD1	1:A:340:LEU:HD21	0.84	2.03	1	7
1:A:222:TYR:CE1	1:A:226:PHE:CE1	0.84	2.66	3	1
1:A:341:ILE:C	1:A:341:ILE:HD13	0.84	1.96	4	1
1:A:347:PHE:CE1	1:A:349:THR:HG22	0.84	2.07	1	8
1:A:356:LEU:CD1	1:A:361:GLY:HA2	0.84	2.03	6	3
1:A:450:VAL:HA	1:A:453:LEU:HD12	0.84	1.49	4	1
1:A:354:LYS:CA	1:A:361:GLY:O	0.84	2.26	3	2
1:A:368:PHE:CD1	1:A:368:PHE:C	0.84	2.56	5	3
1:A:456:ILE:HD12	1:A:457:LYS:N	0.84	1.87	1	2
1:A:329:MET:O	1:A:333:LEU:HD22	0.84	1.71	1	1
1:A:314:GLN:OE1	1:A:317:LEU:HD21	0.83	1.72	2	1
1:A:453:LEU:HD13	1:A:454:GLN:N	0.83	1.87	4	1
1:A:234:ARG:NH1	1:A:237:LEU:HD22	0.83	1.88	9	6
1:A:221:SER:CB	1:A:302:SER:HB2	0.83	2.04	5	6
1:A:248:VAL:HG23	1:A:249:ILE:N	0.83	1.89	9	1
1:A:303:ILE:HG21	1:A:413:LEU:HD21	0.83	1.50	6	5
1:A:417:LEU:HD13	1:A:418:GLU:H	0.83	1.31	1	9
1:A:292:ALA:O	1:A:296:ILE:HD12	0.83	1.74	8	6
1:A:354:LYS:HA	1:A:361:GLY:O	0.83	1.73	3	4
1:A:394:SER:OG	1:A:406:ILE:HG21	0.83	1.74	9	1
1:A:278:ALA:O	1:A:282:PHE:N	0.82	2.12	5	9
1:A:296:ILE:HG21	1:A:392:ILE:HD12	0.82	1.51	2	1
1:A:218:LEU:O	1:A:299:TYR:CE1	0.82	2.31	3	8
1:A:218:LEU:O	1:A:222:TYR:HB2	0.82	1.74	5	9
1:A:282:PHE:CD1	1:A:360:PHE:CD2	0.82	2.67	4	1
1:A:387:PHE:CD1	1:A:387:PHE:C	0.82	2.57	7	3
1:A:222:TYR:CE1	1:A:226:PHE:CD1	0.82	2.68	3	1
1:A:384:LEU:O	1:A:387:PHE:HD1	0.82	1.56	4	1
1:A:314:GLN:O	1:A:318:LEU:HD12	0.82	1.75	9	1
1:A:313:ASP:CG	1:A:406:ILE:HD11	0.82	1.99	7	7
1:A:325:ILE:HD12	1:A:391:ILE:CG2	0.82	2.05	1	7
1:A:417:LEU:HD13	1:A:418:GLU:N	0.82	1.89	4	9
1:A:324:GLU:O	1:A:391:ILE:HD13	0.82	1.74	2	3
1:A:282:PHE:CD1	1:A:360:PHE:CE1	0.82	2.67	3	4
1:A:450:VAL:O	1:A:454:GLN:N	0.82	2.13	1	9
1:A:224:LYS:HB2	1:A:299:TYR:CE2	0.82	2.09	5	1
1:A:331:ALA:HB2	1:A:370:PHE:CZ	0.81	2.10	2	3
1:A:390:VAL:HG22	1:A:413:LEU:HB2	0.81	1.50	2	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:300:ALA:C	1:A:302:SER:N	0.81	2.32	5	9
1:A:356:LEU:HB2	1:A:361:GLY:HA2	0.81	1.50	3	3
1:A:389:ALA:CB	1:A:413:LEU:HD13	0.81	2.04	4	4
1:A:421:LEU:C	1:A:421:LEU:HD12	0.81	2.00	5	2
1:A:318:LEU:HD23	1:A:322:VAL:HB	0.81	1.52	1	7
1:A:219:TYR:OH	1:A:382:SER:O	0.81	1.98	2	1
1:A:222:TYR:CD2	1:A:299:TYR:CE2	0.81	2.68	2	3
1:A:309:LEU:HD13	1:A:406:ILE:HG23	0.81	1.49	9	1
1:A:364:MET:C	1:A:366:PRO:HD2	0.81	2.00	8	5
1:A:327:TYR:C	1:A:327:TYR:CD1	0.81	2.56	2	1
1:A:233:ALA:HB1	1:A:340:LEU:CD2	0.81	2.04	3	1
1:A:277:VAL:O	1:A:356:LEU:HD22	0.81	1.76	6	2
1:A:404:LYS:O	1:A:408:ASP:CG	0.81	2.24	5	9
1:A:331:ALA:HB1	1:A:371:ALA:CB	0.81	2.06	1	6
1:A:324:GLU:HA	1:A:327:TYR:CZ	0.81	2.11	2	1
1:A:348:MET:HE1	1:A:352:PHE:CG	0.81	2.10	7	1
1:A:327:TYR:HD1	1:A:328:THR:N	0.81	1.74	2	1
1:A:397:ARG:CB	1:A:398:PRO:CD	0.81	2.58	3	2
1:A:390:VAL:HG22	1:A:410:GLN:NE2	0.81	1.89	7	1
1:A:237:LEU:CG	1:A:340:LEU:HD21	0.81	2.06	1	2
1:A:248:VAL:HG22	1:A:347:PHE:N	0.80	1.90	9	1
1:A:393:LEU:C	1:A:406:ILE:HG22	0.80	2.00	9	2
1:A:299:TYR:O	1:A:302:SER:OG	0.80	2.00	2	6
1:A:317:LEU:HD11	1:A:400:LEU:HD21	0.80	1.54	6	1
1:A:324:GLU:CA	1:A:327:TYR:CE1	0.80	2.65	2	1
1:A:356:LEU:HD12	1:A:361:GLY:CA	0.80	2.06	6	5
1:A:314:GLN:O	1:A:317:LEU:CD2	0.80	2.29	9	1
1:A:211:LEU:HD21	1:A:415:GLN:HB3	0.80	1.53	3	2
1:A:282:PHE:CD2	1:A:360:PHE:CZ	0.80	2.70	1	2
1:A:414:LEU:HD12	1:A:415:GLN:N	0.80	1.92	5	1
1:A:222:TYR:CG	1:A:299:TYR:CE2	0.80	2.70	2	2
1:A:348:MET:HE1	1:A:352:PHE:CB	0.80	2.07	6	1
1:A:248:VAL:HG13	1:A:346:GLY:HA3	0.80	1.54	9	1
1:A:331:ALA:CA	1:A:371:ALA:HB2	0.80	2.07	1	9
1:A:353:LEU:HD21	1:A:364:MET:SD	0.80	2.17	1	1
1:A:385:ALA:O	1:A:388:ILE:HG22	0.80	1.77	1	2
1:A:417:LEU:C	1:A:417:LEU:CD2	0.80	2.55	1	9
1:A:282:PHE:CE1	1:A:360:PHE:CE2	0.80	2.69	2	2
1:A:363:PHE:CE2	1:A:452:LEU:HD21	0.80	2.12	2	1
1:A:225:SER:HB2	1:A:299:TYR:HB2	0.79	1.52	4	8
1:A:313:ASP:N	1:A:401:LEU:HD12	0.79	1.92	1	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:335:ASN:O	1:A:368:PHE:CD1	0.79	2.34	5	3
1:A:432:PHE:CE1	1:A:436:LEU:HD23	0.79	2.11	5	2
1:A:233:ALA:HB2	1:A:333:LEU:HD13	0.79	1.54	3	1
1:A:324:GLU:O	1:A:328:THR:HB	0.79	1.78	6	8
1:A:380:ASP:O	1:A:384:LEU:HG	0.79	1.76	4	7
1:A:341:ILE:HG23	1:A:347:PHE:HA	0.79	1.54	1	8
1:A:310:ASP:CG	1:A:401:LEU:HD12	0.79	2.02	4	5
1:A:432:PHE:C	1:A:432:PHE:CD1	0.79	2.59	6	4
1:A:306:PHE:O	1:A:309:LEU:HG	0.79	1.78	9	9
1:A:379:LEU:CD1	1:A:421:LEU:HD22	0.79	2.08	3	2
1:A:325:ILE:HG23	1:A:388:ILE:CG1	0.79	2.08	1	6
1:A:403:VAL:HA	1:A:406:ILE:HD13	0.79	1.53	4	2
1:A:289:SER:HA	1:A:326:ILE:HG21	0.79	1.54	5	1
1:A:335:ASN:O	1:A:368:PHE:CE1	0.78	2.36	5	2
1:A:299:TYR:O	1:A:302:SER:CB	0.78	2.30	8	5
1:A:360:PHE:CE1	1:A:456:ILE:HD12	0.78	2.12	4	1
1:A:353:LEU:O	1:A:356:LEU:CD1	0.78	2.32	5	7
1:A:393:LEU:CB	1:A:410:GLN:HG3	0.78	2.08	3	7
1:A:218:LEU:HD11	1:A:303:ILE:HG23	0.78	1.52	5	1
1:A:211:LEU:HD11	1:A:416:ALA:CB	0.78	2.09	2	1
1:A:293:VAL:HG13	1:A:322:VAL:HG11	0.78	1.52	5	1
1:A:296:ILE:HD13	1:A:322:VAL:HG23	0.78	1.56	3	2
1:A:328:THR:HA	1:A:442:LEU:HD21	0.78	1.54	4	7
1:A:406:ILE:CD1	1:A:406:ILE:N	0.78	2.46	2	1
1:A:384:LEU:O	1:A:386:ILE:N	0.78	2.17	4	3
1:A:384:LEU:O	1:A:387:PHE:CD1	0.78	2.36	4	1
1:A:247:PHE:CG	1:A:247:PHE:O	0.77	2.37	7	4
1:A:325:ILE:HG23	1:A:388:ILE:HG12	0.77	1.55	2	4
1:A:248:VAL:HG22	1:A:347:PHE:CE2	0.77	2.14	8	3
1:A:296:ILE:CG2	1:A:318:LEU:HD21	0.77	2.09	6	5
1:A:221:SER:C	1:A:299:TYR:CD2	0.77	2.62	5	1
1:A:370:PHE:CE1	1:A:374:PHE:CD1	0.77	2.72	9	3
1:A:220:ASP:O	1:A:223:ILE:HG22	0.77	1.78	3	1
1:A:393:LEU:CD1	1:A:409:ILE:HG22	0.77	2.09	4	2
1:A:303:ILE:HG23	1:A:413:LEU:HD21	0.77	1.53	8	1
1:A:393:LEU:HD11	1:A:409:ILE:HG22	0.77	1.53	8	2
1:A:236:ILE:HD12	1:A:246:PRO:HB3	0.77	1.57	8	2
1:A:441:ASP:OD2	1:A:442:LEU:HD22	0.77	1.79	7	1
1:A:453:LEU:O	1:A:453:LEU:HD12	0.77	1.79	8	1
1:A:336:LYS:O	1:A:368:PHE:CZ	0.77	2.37	1	3
1:A:358:LYS:CG	1:A:359:PRO:HD3	0.77	2.10	4	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:222:TYR:CZ	1:A:226:PHE:CE1	0.77	2.72	3	1
1:A:348:MET:HE1	1:A:352:PHE:CD2	0.77	2.14	7	1
1:A:325:ILE:O	1:A:328:THR:HG22	0.76	1.80	6	8
1:A:442:LEU:O	1:A:446:VAL:HG23	0.76	1.80	3	6
1:A:421:LEU:C	1:A:421:LEU:HD22	0.76	2.05	9	2
1:A:417:LEU:HD11	1:A:432:PHE:CD1	0.76	2.15	2	3
1:A:403:VAL:HA	1:A:406:ILE:HD12	0.76	1.55	5	6
1:A:211:LEU:HD12	1:A:211:LEU:C	0.76	2.04	4	1
1:A:312:ASN:HB2	1:A:401:LEU:HD11	0.76	1.58	4	8
1:A:425:HIS:O	1:A:425:HIS:CG	0.76	2.37	9	2
1:A:387:PHE:CE2	1:A:436:LEU:HD23	0.76	2.15	1	1
1:A:328:THR:CA	1:A:442:LEU:HD11	0.76	2.10	7	3
1:A:248:VAL:HG13	1:A:347:PHE:CE2	0.76	2.16	8	3
1:A:324:GLU:HA	1:A:442:LEU:HD12	0.76	1.57	4	7
1:A:325:ILE:HG23	1:A:388:ILE:CD1	0.76	2.10	1	2
1:A:378:GLU:OE1	1:A:384:LEU:HD13	0.76	1.81	1	1
1:A:327:TYR:CD1	1:A:328:THR:N	0.76	2.54	2	1
1:A:465:LEU:CD2	1:A:469:LEU:HD13	0.76	2.10	4	5
1:A:231:ALA:HB2	1:A:381:ASP:OD2	0.76	1.80	5	1
1:A:221:SER:OG	1:A:302:SER:CB	0.76	2.34	1	5
1:A:365:GLU:OE1	1:A:368:PHE:CE2	0.76	2.39	5	1
1:A:465:LEU:HD23	1:A:465:LEU:C	0.76	2.05	1	4
1:A:278:ALA:HB1	1:A:360:PHE:O	0.76	1.81	2	1
1:A:327:TYR:CE1	1:A:442:LEU:CD1	0.76	2.69	2	1
1:A:233:ALA:CB	1:A:340:LEU:HD23	0.76	2.10	3	1
1:A:394:SER:CB	1:A:400:LEU:HD11	0.75	2.09	1	1
1:A:211:LEU:CA	1:A:419:LEU:HD21	0.75	2.10	9	2
1:A:466:HIS:CE1	1:A:469:LEU:HD21	0.75	2.16	1	2
1:A:276:GLU:OE1	1:A:278:ALA:HB3	0.75	1.81	3	2
1:A:218:LEU:HD12	1:A:386:ILE:HA	0.75	1.56	4	3
1:A:318:LEU:CD1	1:A:392:ILE:HD11	0.75	2.11	2	1
1:A:221:SER:OG	1:A:299:TYR:HD1	0.75	1.63	9	2
1:A:211:LEU:HD22	1:A:419:LEU:HD12	0.75	1.58	6	2
1:A:296:ILE:HG12	1:A:325:ILE:HG21	0.75	1.58	1	4
1:A:353:LEU:HD13	1:A:364:MET:HB3	0.75	1.57	9	2
1:A:466:HIS:CE1	1:A:469:LEU:CD2	0.75	2.69	1	2
1:A:339:VAL:CG1	1:A:368:PHE:CE1	0.75	2.70	2	1
1:A:211:LEU:C	1:A:211:LEU:CD1	0.75	2.59	4	1
1:A:353:LEU:O	1:A:356:LEU:HD21	0.75	1.80	4	4
1:A:292:ALA:C	1:A:296:ILE:HD12	0.75	2.07	8	5
1:A:281:ILE:O	1:A:285:CYS:N	0.75	2.20	5	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:453:LEU:HD12	1:A:457:LYS:HE2	0.75	1.59	3	1
1:A:377:LEU:HD11	1:A:438:LYS:CE	0.75	2.12	5	1
1:A:279:ILE:HD13	1:A:279:ILE:O	0.75	1.81	6	1
1:A:441:ASP:O	1:A:445:ILE:CD1	0.75	2.35	2	1
1:A:234:ARG:NH1	1:A:237:LEU:HD13	0.75	1.96	2	2
1:A:327:TYR:CE1	1:A:442:LEU:HD13	0.75	2.17	2	1
1:A:333:LEU:HD23	1:A:333:LEU:N	0.75	1.95	4	2
1:A:328:THR:HG23	1:A:387:PHE:CZ	0.75	2.17	4	1
1:A:306:PHE:CE1	1:A:392:ILE:CG2	0.75	2.70	6	1
1:A:222:TYR:HB2	1:A:299:TYR:CZ	0.74	2.16	4	8
1:A:316:THR:HG21	1:A:399:GLY:O	0.74	1.80	2	7
1:A:335:ASN:CG	1:A:335:ASN:O	0.74	2.30	3	2
1:A:393:LEU:HD13	1:A:409:ILE:HB	0.74	1.59	8	2
1:A:292:ALA:HB1	1:A:326:ILE:HG12	0.74	1.58	9	6
1:A:325:ILE:HD11	1:A:391:ILE:C	0.74	2.07	9	2
1:A:359:PRO:CB	1:A:456:ILE:CD1	0.74	2.64	2	2
1:A:318:LEU:CD2	1:A:322:VAL:HG12	0.74	2.09	5	1
1:A:421:LEU:HD22	1:A:421:LEU:O	0.74	1.82	6	2
1:A:282:PHE:CE1	1:A:360:PHE:CZ	0.74	2.75	2	3
1:A:282:PHE:CE1	1:A:360:PHE:CE1	0.74	2.74	8	2
1:A:325:ILE:HD13	1:A:392:ILE:CD1	0.74	2.12	9	2
1:A:249:ILE:HA	1:A:349:THR:HG23	0.74	1.59	9	1
1:A:211:LEU:HD13	1:A:419:LEU:HD11	0.74	1.58	7	1
1:A:363:PHE:HB2	1:A:452:LEU:HD13	0.74	1.59	9	1
1:A:313:ASP:OD1	1:A:400:LEU:HD22	0.74	1.83	1	2
1:A:370:PHE:CB	1:A:445:ILE:HD11	0.74	2.12	1	4
1:A:327:TYR:CD1	1:A:442:LEU:HD13	0.74	2.17	2	1
1:A:211:LEU:CB	1:A:419:LEU:HD21	0.74	2.11	4	2
1:A:305:GLY:O	1:A:309:LEU:HG	0.74	1.83	2	9
1:A:211:LEU:CD1	1:A:211:LEU:C	0.73	2.61	1	6
1:A:400:LEU:HD13	1:A:406:ILE:HD13	0.73	1.60	1	1
1:A:299:TYR:O	1:A:302:SER:HB2	0.73	1.82	6	2
1:A:313:ASP:O	1:A:317:LEU:HD22	0.73	1.82	6	1
1:A:249:ILE:HD12	1:A:341:ILE:HD12	0.73	1.60	8	1
1:A:324:GLU:CB	1:A:391:ILE:HG21	0.73	2.12	1	4
1:A:328:THR:CG2	1:A:387:PHE:CZ	0.73	2.71	7	2
1:A:334:MET:CE	1:A:367:LYS:HB3	0.73	2.14	2	8
1:A:296:ILE:HD13	1:A:322:VAL:CG2	0.73	2.13	8	5
1:A:211:LEU:HG	1:A:419:LEU:HD13	0.73	1.58	3	3
1:A:226:PHE:CG	1:A:226:PHE:O	0.73	2.42	3	1
1:A:221:SER:CB	1:A:302:SER:CB	0.73	2.67	5	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:221:SER:O	1:A:299:TYR:CE2	0.73	2.42	5	1
1:A:278:ALA:O	1:A:280:ARG:N	0.73	2.22	3	8
1:A:339:VAL:HG13	1:A:368:PHE:CE1	0.73	2.19	2	1
1:A:445:ILE:HG22	1:A:449:HIS:NE2	0.73	1.97	6	1
1:A:216:LYS:O	1:A:220:ASP:HB2	0.73	1.83	8	9
1:A:354:LYS:O	1:A:356:LEU:N	0.73	2.22	8	7
1:A:282:PHE:CZ	1:A:360:PHE:CZ	0.73	2.77	8	2
1:A:459:THR:HG22	1:A:459:THR:O	0.72	1.83	4	6
1:A:237:LEU:HD11	1:A:340:LEU:HD21	0.72	1.62	1	1
1:A:393:LEU:HD12	1:A:406:ILE:HA	0.72	1.59	2	6
1:A:390:VAL:HG22	1:A:413:LEU:CB	0.72	2.14	2	2
1:A:296:ILE:HG12	1:A:388:ILE:HD11	0.72	1.61	3	1
1:A:248:VAL:O	1:A:249:ILE:CG2	0.72	2.38	9	1
1:A:299:TYR:CD1	1:A:299:TYR:C	0.72	2.67	2	8
1:A:402:ASN:C	1:A:406:ILE:CD1	0.72	2.63	1	3
1:A:278:ALA:HB2	1:A:357:ARG:HB2	0.72	1.61	9	1
1:A:309:LEU:CD1	1:A:393:LEU:HD11	0.72	2.14	2	1
1:A:277:VAL:HG13	1:A:356:LEU:HB3	0.72	1.61	8	1
1:A:370:PHE:CD2	1:A:445:ILE:CD1	0.72	2.72	1	1
1:A:472:ILE:HD12	1:A:473:TYR:N	0.72	1.99	2	2
1:A:278:ALA:O	1:A:279:ILE:C	0.72	2.32	4	9
1:A:331:ALA:HB1	1:A:371:ALA:HA	0.72	1.61	3	8
1:A:219:TYR:CE1	1:A:223:ILE:CD1	0.72	2.73	5	3
1:A:303:ILE:HD13	1:A:393:LEU:CD2	0.72	2.15	1	4
1:A:353:LEU:HD11	1:A:368:PHE:CZ	0.72	2.20	2	1
1:A:226:PHE:CD1	1:A:226:PHE:O	0.72	2.43	3	1
1:A:387:PHE:CZ	1:A:388:ILE:HD12	0.72	2.19	7	1
1:A:420:GLN:NE2	1:A:424:ASN:ND2	0.72	2.38	1	9
1:A:328:THR:HG23	1:A:387:PHE:CE2	0.72	2.18	4	1
1:A:246:PRO:O	1:A:247:PHE:C	0.72	2.33	3	7
1:A:450:VAL:HG12	1:A:454:GLN:HB2	0.72	1.59	1	3
1:A:451:GLN:O	1:A:455:VAL:HG23	0.72	1.84	9	6
1:A:379:LEU:HD12	1:A:425:HIS:CE1	0.72	2.20	7	1
1:A:325:ILE:HG23	1:A:388:ILE:HD11	0.71	1.61	1	2
1:A:331:ALA:CB	1:A:371:ALA:HB2	0.71	2.16	1	4
1:A:347:PHE:CD1	1:A:347:PHE:C	0.71	2.68	8	7
1:A:390:VAL:O	1:A:410:GLN:NE2	0.71	2.23	4	4
1:A:390:VAL:HG22	1:A:410:GLN:HE21	0.71	1.44	7	1
1:A:362:ASP:CG	1:A:362:ASP:O	0.71	2.34	4	3
1:A:393:LEU:CD1	1:A:409:ILE:CG2	0.71	2.68	4	2
1:A:363:PHE:HB3	1:A:452:LEU:HD22	0.71	1.61	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:347:PHE:O	1:A:347:PHE:CD1	0.71	2.43	4	1
1:A:393:LEU:O	1:A:406:ILE:HG22	0.71	1.85	5	3
1:A:435:LEU:HD12	1:A:435:LEU:O	0.71	1.85	1	2
1:A:354:LYS:C	1:A:361:GLY:O	0.71	2.34	3	2
1:A:230:LYS:CG	1:A:332:SER:HB3	0.71	2.15	1	2
1:A:414:LEU:HD13	1:A:432:PHE:CE2	0.71	2.20	5	1
1:A:276:GLU:OE1	1:A:357:ARG:CZ	0.71	2.39	9	8
1:A:334:MET:HE2	1:A:367:LYS:HG2	0.71	1.62	3	1
1:A:292:ALA:HB3	1:A:326:ILE:HG12	0.71	1.61	5	1
1:A:397:ARG:HB2	1:A:400:LEU:HG	0.71	1.62	5	2
1:A:247:PHE:O	1:A:347:PHE:CD1	0.71	2.44	9	1
1:A:287:PHE:CE1	1:A:291:GLU:CG	0.71	2.74	1	4
1:A:393:LEU:HD23	1:A:393:LEU:N	0.71	2.00	4	1
1:A:453:LEU:C	1:A:453:LEU:CD1	0.71	2.61	4	1
1:A:234:ARG:HD2	1:A:234:ARG:N	0.71	2.01	8	4
1:A:397:ARG:CB	1:A:398:PRO:HD2	0.71	2.15	3	1
1:A:318:LEU:C	1:A:322:VAL:HG13	0.71	2.10	5	1
1:A:214:LEU:CD2	1:A:416:ALA:HB2	0.71	2.15	6	1
1:A:467:PRO:O	1:A:468:LEU:HD12	0.71	1.84	6	1
1:A:228:LEU:HD12	1:A:333:LEU:HG	0.70	1.61	7	3
1:A:282:PHE:CG	1:A:360:PHE:CE1	0.70	2.79	1	3
1:A:249:ILE:CD1	1:A:352:PHE:CE1	0.70	2.74	9	1
1:A:325:ILE:HD11	1:A:391:ILE:O	0.70	1.84	9	1
1:A:360:PHE:CD1	1:A:456:ILE:HD13	0.70	2.21	6	1
1:A:237:LEU:HG	1:A:340:LEU:HD21	0.70	1.60	1	2
1:A:312:ASN:CB	1:A:401:LEU:HD11	0.70	2.17	9	3
1:A:454:GLN:O	1:A:458:LYS:CG	0.70	2.39	8	6
1:A:296:ILE:CG2	1:A:392:ILE:HD12	0.70	2.15	2	1
1:A:406:ILE:N	1:A:406:ILE:HD12	0.70	2.01	2	1
1:A:360:PHE:CZ	1:A:456:ILE:HD13	0.70	2.21	6	1
1:A:238:THR:O	1:A:239:GLY:C	0.70	2.34	8	4
1:A:293:VAL:HG22	1:A:322:VAL:HB	0.70	1.63	5	1
1:A:379:LEU:HD12	1:A:425:HIS:CG	0.70	2.20	7	1
1:A:221:SER:OG	1:A:299:TYR:CD1	0.70	2.44	4	3
1:A:318:LEU:HD23	1:A:322:VAL:CB	0.70	2.16	8	7
1:A:374:PHE:CE2	1:A:442:LEU:HD23	0.70	2.21	1	1
1:A:377:LEU:HD22	1:A:438:LYS:HG3	0.70	1.62	1	1
1:A:402:ASN:HB2	1:A:405:PRO:HG2	0.70	1.63	1	9
1:A:249:ILE:CG2	1:A:348:MET:HE2	0.70	2.15	3	1
1:A:296:ILE:CG1	1:A:388:ILE:HD11	0.70	2.15	3	1
1:A:328:THR:CG2	1:A:387:PHE:CE2	0.70	2.74	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:335:ASN:CG	1:A:336:LYS:N	0.70	2.49	5	7
1:A:309:LEU:CD1	1:A:406:ILE:HG23	0.70	2.17	9	1
1:A:420:GLN:O	1:A:424:ASN:CG	0.70	2.34	4	3
1:A:321:GLY:O	1:A:325:ILE:HD12	0.70	1.85	9	2
1:A:350:ARG:NE	1:A:365:GLU:OE2	0.70	2.25	7	9
1:A:384:LEU:O	1:A:387:PHE:N	0.70	2.25	4	5
1:A:402:ASN:HB3	1:A:405:PRO:CG	0.70	2.16	2	9
1:A:219:TYR:OH	1:A:382:SER:CB	0.70	2.39	4	1
1:A:414:LEU:HD21	1:A:436:LEU:HD22	0.70	1.63	4	1
1:A:410:GLN:OE1	1:A:414:LEU:HD11	0.70	1.87	6	1
1:A:466:HIS:CG	1:A:467:PRO:CD	0.70	2.75	6	1
1:A:211:LEU:HD12	1:A:419:LEU:CD2	0.69	2.06	3	1
1:A:323:HIS:CD2	1:A:323:HIS:C	0.69	2.70	3	2
1:A:379:LEU:HD11	1:A:435:LEU:HD13	0.69	1.61	3	1
1:A:466:HIS:ND1	1:A:467:PRO:O	0.69	2.24	6	1
1:A:249:ILE:HG21	1:A:341:ILE:CD1	0.69	2.17	7	1
1:A:287:PHE:CZ	1:A:291:GLU:CD	0.69	2.69	1	6
1:A:324:GLU:HB3	1:A:391:ILE:HG21	0.69	1.62	1	3
1:A:309:LEU:CB	1:A:314:GLN:NE2	0.69	2.55	2	1
1:A:359:PRO:O	1:A:360:PHE:C	0.69	2.33	2	1
1:A:230:LYS:HD3	1:A:384:LEU:CD1	0.69	2.16	3	1
1:A:335:ASN:O	1:A:368:PHE:CZ	0.69	2.45	8	1
1:A:374:PHE:CE1	1:A:441:ASP:CG	0.69	2.70	5	2
1:A:414:LEU:HD23	1:A:417:LEU:HD12	0.69	1.64	3	1
1:A:387:PHE:CZ	1:A:388:ILE:CD1	0.69	2.75	7	1
1:A:394:SER:HG	1:A:406:ILE:HD13	0.69	1.48	9	1
1:A:422:LYS:O	1:A:426:PRO:HB3	0.69	1.88	2	8
1:A:439:MET:O	1:A:443:ARG:N	0.69	2.25	5	9
1:A:381:ASP:HA	1:A:384:LEU:HD12	0.69	1.64	6	3
1:A:313:ASP:HB3	1:A:314:GLN:NE2	0.69	2.03	2	1
1:A:324:GLU:C	1:A:327:TYR:CE1	0.69	2.70	2	1
1:A:416:ALA:O	1:A:420:GLN:N	0.69	2.25	5	3
1:A:432:PHE:CD1	1:A:436:LEU:HD23	0.69	2.23	4	3
1:A:234:ARG:HH12	1:A:237:LEU:HD22	0.69	1.45	3	2
1:A:287:PHE:O	1:A:290:VAL:HG22	0.69	1.88	6	4
1:A:218:LEU:HD11	1:A:303:ILE:CG2	0.69	2.17	5	1
1:A:237:LEU:C	1:A:238:THR:HG22	0.69	2.10	5	1
1:A:222:TYR:CD2	1:A:385:ALA:CB	0.69	2.76	1	4
1:A:441:ASP:O	1:A:445:ILE:HG13	0.69	1.87	3	8
1:A:370:PHE:CG	1:A:445:ILE:CD1	0.69	2.76	3	3
1:A:454:GLN:O	1:A:458:LYS:HG3	0.69	1.87	1	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:393:LEU:HD12	1:A:410:GLN:N	0.69	2.02	8	2
1:A:419:LEU:HG	1:A:423:LEU:HD11	0.68	1.65	3	3
1:A:322:VAL:O	1:A:326:ILE:HD12	0.68	1.88	5	1
1:A:370:PHE:CZ	1:A:374:PHE:CD1	0.68	2.81	9	1
1:A:335:ASN:HB3	1:A:338:GLY:C	0.68	2.13	8	6
1:A:419:LEU:HD23	1:A:420:GLN:N	0.68	2.04	6	4
1:A:473:TYR:C	1:A:473:TYR:CD1	0.68	2.69	2	1
1:A:248:VAL:HG23	1:A:347:PHE:CE2	0.68	2.22	7	4
1:A:249:ILE:HD12	1:A:341:ILE:CD1	0.68	2.18	8	2
1:A:421:LEU:HD23	1:A:425:HIS:CE1	0.68	2.23	6	1
1:A:228:LEU:HD12	1:A:333:LEU:CD1	0.68	2.18	8	1
1:A:313:ASP:H	1:A:401:LEU:HD12	0.68	1.46	9	3
1:A:392:ILE:O	1:A:394:SER:N	0.68	2.26	9	6
1:A:374:PHE:CZ	1:A:441:ASP:CG	0.68	2.72	3	2
1:A:279:ILE:HD11	1:A:465:LEU:N	0.68	2.03	4	1
1:A:441:ASP:OD1	1:A:445:ILE:HD11	0.68	1.89	8	1
1:A:338:GLY:HA2	1:A:349:THR:HA	0.68	1.66	1	9
1:A:323:HIS:CE1	1:A:324:GLU:CD	0.68	2.72	5	1
1:A:226:PHE:CD1	1:A:295:GLU:OE1	0.68	2.47	7	1
1:A:440:THR:O	1:A:444:GLN:HB2	0.68	1.87	5	9
1:A:392:ILE:C	1:A:394:SER:H	0.68	1.96	3	6
1:A:334:MET:HE3	1:A:367:LYS:C	0.68	2.14	5	2
1:A:292:ALA:HB3	1:A:326:ILE:CD1	0.68	2.19	1	4
1:A:325:ILE:HD13	1:A:392:ILE:HD12	0.68	1.64	9	2
1:A:278:ALA:HB1	1:A:360:PHE:CD2	0.68	2.24	9	4
1:A:292:ALA:O	1:A:295:GLU:N	0.68	2.27	9	9
1:A:336:LYS:O	1:A:368:PHE:CE2	0.68	2.47	1	1
1:A:222:TYR:CE2	1:A:388:ILE:HG21	0.68	2.23	2	1
1:A:424:ASN:CG	1:A:425:HIS:CD2	0.68	2.72	3	4
1:A:300:ALA:CB	1:A:306:PHE:CE2	0.68	2.77	3	3
1:A:419:LEU:HG	1:A:423:LEU:HD12	0.68	1.64	4	2
1:A:327:TYR:CD2	1:A:446:VAL:CG2	0.68	2.77	6	6
1:A:221:SER:OG	1:A:299:TYR:O	0.68	2.11	9	1
1:A:326:ILE:O	1:A:330:LEU:CB	0.67	2.42	1	9
1:A:348:MET:HE3	1:A:352:PHE:CD2	0.67	2.25	4	2
1:A:324:GLU:O	1:A:327:TYR:CE1	0.67	2.47	2	1
1:A:381:ASP:O	1:A:385:ALA:N	0.67	2.22	6	4
1:A:282:PHE:CG	1:A:360:PHE:CE2	0.67	2.83	9	3
1:A:384:LEU:O	1:A:387:PHE:CD2	0.67	2.47	7	1
1:A:359:PRO:C	1:A:361:GLY:N	0.67	2.51	2	9
1:A:210:ASP:O	1:A:214:LEU:N	0.67	2.26	2	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:219:TYR:CD1	1:A:385:ALA:HB3	0.67	2.23	2	2
1:A:300:ALA:O	1:A:303:ILE:HG13	0.67	1.89	4	2
1:A:374:PHE:CD2	1:A:377:LEU:HD21	0.67	2.24	1	1
1:A:393:LEU:HB3	1:A:410:GLN:CB	0.67	2.19	2	1
1:A:237:LEU:HD12	1:A:340:LEU:HD21	0.67	1.66	4	1
1:A:402:ASN:HB2	1:A:405:PRO:CG	0.67	2.18	6	2
1:A:421:LEU:HD23	1:A:421:LEU:C	0.67	2.13	8	1
1:A:356:LEU:O	1:A:357:ARG:C	0.67	2.38	8	6
1:A:234:ARG:NE	1:A:332:SER:O	0.67	2.27	7	9
1:A:394:SER:HB2	1:A:406:ILE:HG21	0.67	1.67	1	1
1:A:237:LEU:HD13	1:A:340:LEU:CD2	0.67	2.19	8	4
1:A:317:LEU:HD23	1:A:317:LEU:C	0.67	2.14	9	1
1:A:299:TYR:O	1:A:302:SER:HB3	0.67	1.90	7	4
1:A:310:ASP:HB3	1:A:313:ASP:HB2	0.67	1.66	6	8
1:A:374:PHE:CE1	1:A:441:ASP:OD1	0.67	2.48	5	1
1:A:465:LEU:HB3	1:A:469:LEU:HD22	0.67	1.65	3	4
1:A:318:LEU:CD2	1:A:322:VAL:HG22	0.67	2.15	4	1
1:A:218:LEU:CD1	1:A:303:ILE:HG23	0.67	2.19	5	1
1:A:393:LEU:CD1	1:A:409:ILE:HB	0.67	2.19	6	8
1:A:363:PHE:CD1	1:A:363:PHE:C	0.67	2.73	3	4
1:A:214:LEU:HG	1:A:218:LEU:HD23	0.67	1.66	8	2
1:A:335:ASN:ND2	1:A:336:LYS:H	0.67	1.88	5	3
1:A:309:LEU:HB2	1:A:314:GLN:NE2	0.67	2.04	2	1
1:A:210:ASP:HA	1:A:213:ALA:HB3	0.67	1.66	8	4
1:A:296:ILE:CG2	1:A:300:ALA:HB2	0.67	2.20	5	1
1:A:377:LEU:O	1:A:378:GLU:C	0.67	2.37	9	1
1:A:404:LYS:N	1:A:405:PRO:CD	0.66	2.58	6	9
1:A:400:LEU:O	1:A:401:LEU:HD23	0.66	1.90	3	2
1:A:445:ILE:CG2	1:A:449:HIS:CE1	0.66	2.75	6	1
1:A:410:GLN:OE1	1:A:414:LEU:HD12	0.66	1.90	8	1
1:A:424:ASN:OD1	1:A:425:HIS:CD2	0.66	2.48	2	4
1:A:314:GLN:C	1:A:317:LEU:HD22	0.66	2.16	9	1
1:A:216:LYS:O	1:A:220:ASP:CB	0.66	2.43	9	9
1:A:306:PHE:CE1	1:A:317:LEU:HD11	0.66	2.26	5	1
1:A:341:ILE:HD13	1:A:347:PHE:C	0.66	2.16	9	1
1:A:282:PHE:CE2	1:A:360:PHE:CZ	0.66	2.82	1	2
1:A:402:ASN:CB	1:A:405:PRO:CG	0.66	2.73	6	9
1:A:276:GLU:OE2	1:A:278:ALA:HB3	0.66	1.90	2	1
1:A:363:PHE:CB	1:A:452:LEU:HD22	0.66	2.20	8	1
1:A:338:GLY:CA	1:A:349:THR:HA	0.66	2.21	8	9
1:A:397:ARG:HB2	1:A:398:PRO:HD2	0.66	1.68	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:465:LEU:CB	1:A:469:LEU:HD22	0.66	2.21	9	4
1:A:328:THR:CG2	1:A:387:PHE:CE1	0.66	2.78	7	1
1:A:225:SER:HG	1:A:295:GLU:C	0.66	1.98	1	3
1:A:403:VAL:CA	1:A:406:ILE:HD13	0.66	2.20	4	2
1:A:357:ARG:HG3	1:A:360:PHE:C	0.66	2.15	6	1
1:A:234:ARG:N	1:A:234:ARG:CD	0.66	2.57	1	9
1:A:333:LEU:N	1:A:333:LEU:HD13	0.66	2.06	6	5
1:A:222:TYR:CZ	1:A:388:ILE:CG2	0.66	2.78	5	1
1:A:348:MET:HB3	1:A:353:LEU:HD21	0.66	1.67	7	1
1:A:465:LEU:CG	1:A:469:LEU:HD22	0.66	2.19	9	4
1:A:334:MET:HE2	1:A:367:LYS:O	0.66	1.91	8	2
1:A:390:VAL:HG22	1:A:414:LEU:HD12	0.66	1.67	8	1
1:A:234:ARG:N	1:A:234:ARG:HD2	0.66	2.05	1	5
1:A:237:LEU:HD11	1:A:340:LEU:CD2	0.66	2.20	1	2
1:A:323:HIS:CD2	1:A:324:GLU:N	0.66	2.63	3	2
1:A:356:LEU:CB	1:A:361:GLY:HA2	0.66	2.21	3	2
1:A:393:LEU:HB2	1:A:410:GLN:HG3	0.66	1.67	4	2
1:A:466:HIS:ND1	1:A:467:PRO:HD2	0.66	2.04	6	1
1:A:387:PHE:CG	1:A:388:ILE:N	0.66	2.64	7	1
1:A:247:PHE:HB3	1:A:346:GLY:CA	0.66	2.20	3	5
1:A:279:ILE:HD11	1:A:465:LEU:HA	0.66	1.66	7	3
1:A:374:PHE:CZ	1:A:438:LYS:HG3	0.66	2.26	6	2
1:A:334:MET:SD	1:A:339:VAL:HG12	0.65	2.30	1	1
1:A:465:LEU:CD1	1:A:466:HIS:CD2	0.65	2.79	9	5
1:A:453:LEU:HD22	1:A:457:LYS:HG3	0.65	1.68	4	1
1:A:221:SER:HG	1:A:299:TYR:HD1	0.65	1.34	9	2
1:A:310:ASP:HB3	1:A:313:ASP:CB	0.65	2.22	9	9
1:A:384:LEU:O	1:A:385:ALA:C	0.65	2.39	4	8
1:A:218:LEU:HD21	1:A:413:LEU:CD2	0.65	2.16	5	1
1:A:339:VAL:HG13	1:A:353:LEU:HD11	0.65	1.67	5	1
1:A:378:GLU:C	1:A:379:LEU:HD23	0.65	2.17	5	1
1:A:287:PHE:CE2	1:A:291:GLU:CD	0.65	2.74	9	7
1:A:327:TYR:CG	1:A:446:VAL:HG22	0.65	2.27	5	4
1:A:360:PHE:CE1	1:A:460:GLU:OE2	0.65	2.49	4	1
1:A:418:GLU:CB	1:A:432:PHE:CG	0.65	2.79	4	3
1:A:282:PHE:CD2	1:A:360:PHE:CE1	0.65	2.84	1	1
1:A:291:GLU:O	1:A:294:GLN:N	0.65	2.30	2	9
1:A:456:ILE:CG2	1:A:457:LYS:N	0.65	2.59	7	6
1:A:400:LEU:HD21	1:A:406:ILE:HG12	0.65	1.68	6	1
1:A:306:PHE:O	1:A:309:LEU:CG	0.65	2.44	9	7
1:A:350:ARG:HB2	1:A:368:PHE:CE2	0.65	2.27	4	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:222:TYR:CG	1:A:385:ALA:HB1	0.65	2.26	7	2
1:A:282:PHE:CD1	1:A:282:PHE:C	0.65	2.74	3	5
1:A:421:LEU:HD23	1:A:425:HIS:NE2	0.65	2.06	9	1
1:A:377:LEU:HD22	1:A:438:LYS:CG	0.65	2.22	1	1
1:A:282:PHE:CD1	1:A:360:PHE:CZ	0.65	2.85	9	3
1:A:348:MET:HE3	1:A:353:LEU:HD23	0.65	1.66	2	1
1:A:211:LEU:HD22	1:A:419:LEU:CD2	0.65	2.20	4	2
1:A:211:LEU:HD22	1:A:419:LEU:HG	0.65	1.69	4	2
1:A:374:PHE:CZ	1:A:438:LYS:CG	0.65	2.80	6	2
1:A:248:VAL:CG2	1:A:347:PHE:CZ	0.65	2.79	3	4
1:A:424:ASN:ND2	1:A:425:HIS:CD2	0.65	2.65	5	3
1:A:420:GLN:O	1:A:424:ASN:HB3	0.65	1.92	9	3
1:A:370:PHE:CE1	1:A:374:PHE:CE1	0.65	2.85	9	1
1:A:414:LEU:CD2	1:A:436:LEU:HD22	0.64	2.21	4	1
1:A:394:SER:OG	1:A:406:ILE:HD13	0.64	1.91	9	1
1:A:394:SER:HB3	1:A:400:LEU:HD11	0.64	1.67	1	1
1:A:334:MET:HE3	1:A:368:PHE:HD1	0.64	1.52	4	2
1:A:440:THR:O	1:A:444:GLN:N	0.64	2.29	6	5
1:A:248:VAL:CG2	1:A:249:ILE:N	0.64	2.60	9	1
1:A:276:GLU:CD	1:A:357:ARG:NE	0.64	2.55	6	9
1:A:417:LEU:HD21	1:A:421:LEU:HD13	0.64	1.70	1	1
1:A:327:TYR:CE2	1:A:446:VAL:HG22	0.64	2.27	9	4
1:A:350:ARG:O	1:A:354:LYS:HG3	0.64	1.92	3	1
1:A:221:SER:CA	1:A:299:TYR:CE2	0.64	2.80	5	1
1:A:323:HIS:CD2	1:A:446:VAL:CG2	0.64	2.75	5	2
1:A:449:HIS:O	1:A:453:LEU:HD23	0.64	1.92	3	1
1:A:278:ALA:O	1:A:281:ILE:N	0.64	2.30	2	9
1:A:310:ASP:HB3	1:A:313:ASP:HB3	0.64	1.70	2	1
1:A:211:LEU:O	1:A:215:ALA:HB2	0.64	1.93	9	2
1:A:314:GLN:O	1:A:317:LEU:HD22	0.64	1.92	9	1
1:A:365:GLU:N	1:A:366:PRO:HD2	0.64	2.02	8	9
1:A:235:ALA:HA	1:A:239:GLY:HA3	0.64	1.68	9	6
1:A:421:LEU:HD12	1:A:421:LEU:O	0.64	1.93	3	2
1:A:234:ARG:HH11	1:A:237:LEU:HD22	0.64	1.52	5	1
1:A:421:LEU:C	1:A:421:LEU:CD2	0.64	2.70	9	3
1:A:309:LEU:HB2	1:A:314:GLN:CD	0.64	2.17	2	1
1:A:324:GLU:C	1:A:391:ILE:HG21	0.64	2.18	8	8
1:A:226:PHE:CE2	1:A:228:LEU:O	0.64	2.51	3	1
1:A:316:THR:CG2	1:A:399:GLY:O	0.64	2.46	9	8
1:A:211:LEU:HD21	1:A:415:GLN:CB	0.64	2.22	3	2
1:A:237:LEU:CD1	1:A:340:LEU:HD11	0.64	2.22	9	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:303:ILE:HG21	1:A:409:ILE:CG2	0.64	2.22	9	3
1:A:328:THR:CG2	1:A:329:MET:N	0.64	2.61	7	9
1:A:415:GLN:O	1:A:419:LEU:CB	0.64	2.46	6	8
1:A:348:MET:SD	1:A:352:PHE:CD2	0.64	2.91	7	2
1:A:446:VAL:HG12	1:A:447:THR:N	0.64	2.08	6	2
1:A:414:LEU:HD12	1:A:414:LEU:C	0.64	2.18	5	1
1:A:334:MET:CE	1:A:367:LYS:CB	0.63	2.76	4	8
1:A:277:VAL:HG12	1:A:356:LEU:CD2	0.63	2.23	3	2
1:A:211:LEU:HB2	1:A:419:LEU:HD21	0.63	1.68	4	1
1:A:331:ALA:O	1:A:334:MET:HB2	0.63	1.92	6	8
1:A:393:LEU:HG	1:A:409:ILE:HG22	0.63	1.68	7	7
1:A:219:TYR:CZ	1:A:382:SER:HA	0.63	2.28	2	2
1:A:221:SER:HA	1:A:299:TYR:CE2	0.63	2.28	5	1
1:A:221:SER:HB2	1:A:302:SER:CB	0.63	2.24	5	3
1:A:227:PRO:O	1:A:229:THR:N	0.63	2.31	2	3
1:A:280:ARG:CG	1:A:281:ILE:N	0.63	2.61	5	1
1:A:316:THR:HG21	1:A:400:LEU:HA	0.63	1.70	9	3
1:A:325:ILE:HG23	1:A:388:ILE:HG13	0.63	1.69	1	4
1:A:219:TYR:CD2	1:A:385:ALA:CB	0.63	2.81	3	1
1:A:366:PRO:HB2	1:A:445:ILE:HG23	0.63	1.70	7	2
1:A:417:LEU:HD22	1:A:418:GLU:N	0.63	2.07	1	9
1:A:327:TYR:C	1:A:442:LEU:HD11	0.63	2.19	3	2
1:A:333:LEU:N	1:A:333:LEU:CD1	0.63	2.61	6	3
1:A:339:VAL:O	1:A:348:MET:N	0.63	2.32	9	5
1:A:296:ILE:HD13	1:A:322:VAL:HG13	0.63	1.70	4	1
1:A:416:ALA:HA	1:A:419:LEU:HD22	0.63	1.71	9	3
1:A:363:PHE:CZ	1:A:452:LEU:HB2	0.63	2.28	8	2
1:A:357:ARG:O	1:A:361:GLY:N	0.63	2.32	8	8
1:A:359:PRO:C	1:A:361:GLY:H	0.63	2.02	3	9
1:A:222:TYR:CD1	1:A:222:TYR:C	0.63	2.77	6	1
1:A:384:LEU:C	1:A:386:ILE:H	0.63	2.01	6	1
1:A:348:MET:HG2	1:A:353:LEU:HD23	0.63	1.71	8	2
1:A:393:LEU:N	1:A:393:LEU:HD23	0.63	2.09	8	1
1:A:402:ASN:CB	1:A:405:PRO:HG2	0.63	2.24	1	7
1:A:417:LEU:CD2	1:A:421:LEU:HD13	0.63	2.24	1	1
1:A:339:VAL:O	1:A:347:PHE:CB	0.63	2.47	9	3
1:A:393:LEU:O	1:A:410:GLN:NE2	0.63	2.32	4	2
1:A:296:ILE:O	1:A:299:TYR:N	0.62	2.32	5	9
1:A:350:ARG:NE	1:A:365:GLU:CD	0.62	2.57	2	7
1:A:432:PHE:CG	1:A:433:ALA:N	0.62	2.67	4	6
1:A:389:ALA:HB1	1:A:413:LEU:CD1	0.62	2.09	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:394:SER:O	1:A:396:ASP:N	0.62	2.32	8	4
1:A:322:VAL:HG12	1:A:326:ILE:HD11	0.62	1.71	4	1
1:A:331:ALA:HB1	1:A:371:ALA:CA	0.62	2.24	1	7
1:A:222:TYR:CE2	1:A:385:ALA:HA	0.62	2.30	6	2
1:A:418:GLU:HB3	1:A:432:PHE:CG	0.62	2.29	4	5
1:A:400:LEU:HD22	1:A:403:VAL:HG23	0.62	1.72	6	1
1:A:403:VAL:HA	1:A:406:ILE:CD1	0.62	2.24	9	1
1:A:310:ASP:N	1:A:314:GLN:HE21	0.62	1.91	2	9
1:A:325:ILE:CD1	1:A:391:ILE:CG2	0.62	2.77	7	7
1:A:466:HIS:ND1	1:A:467:PRO:CD	0.62	2.62	6	1
1:A:248:VAL:CG1	1:A:347:PHE:CZ	0.62	2.79	8	1
1:A:365:GLU:N	1:A:366:PRO:HD3	0.62	2.09	8	1
1:A:380:ASP:OD2	1:A:425:HIS:CD2	0.62	2.52	9	1
1:A:221:SER:OG	1:A:302:SER:OG	0.62	2.16	5	4
1:A:417:LEU:HD11	1:A:432:PHE:CB	0.62	2.22	7	2
1:A:432:PHE:CD1	1:A:432:PHE:C	0.62	2.76	2	2
1:A:230:LYS:CE	1:A:384:LEU:HD11	0.62	2.25	3	1
1:A:393:LEU:O	1:A:406:ILE:C	0.62	2.43	3	1
1:A:279:ILE:HD11	1:A:465:LEU:H	0.62	1.54	4	1
1:A:400:LEU:HD13	1:A:403:VAL:HG22	0.62	1.69	4	1
1:A:280:ARG:NE	1:A:281:ILE:HD12	0.62	2.09	5	1
1:A:318:LEU:O	1:A:322:VAL:HG13	0.62	1.95	5	1
1:A:317:LEU:HD11	1:A:400:LEU:CD2	0.62	2.25	6	1
1:A:319:LYS:NZ	1:A:473:TYR:O	0.62	2.32	6	1
1:A:278:ALA:HB1	1:A:360:PHE:HD2	0.62	1.53	9	1
1:A:225:SER:OG	1:A:295:GLU:C	0.62	2.42	8	7
1:A:330:LEU:O	1:A:333:LEU:N	0.62	2.32	6	9
1:A:287:PHE:CD2	1:A:291:GLU:OE2	0.62	2.52	2	1
1:A:390:VAL:HB	1:A:414:LEU:HD12	0.62	1.70	6	1
1:A:390:VAL:HG23	1:A:413:LEU:HB2	0.62	1.72	7	1
1:A:217:HIS:O	1:A:220:ASP:N	0.62	2.33	2	9
1:A:420:GLN:NE2	1:A:424:ASN:HD22	0.62	1.92	1	6
1:A:370:PHE:CD1	1:A:370:PHE:C	0.62	2.77	2	1
1:A:432:PHE:CE1	1:A:436:LEU:CD2	0.62	2.82	4	3
1:A:317:LEU:HB3	1:A:400:LEU:HD22	0.62	1.71	3	1
1:A:353:LEU:HD13	1:A:364:MET:HB2	0.62	1.71	4	1
1:A:306:PHE:HE1	1:A:317:LEU:HD11	0.62	1.53	5	1
1:A:211:LEU:CD2	1:A:419:LEU:CD1	0.62	2.77	7	2
1:A:226:PHE:CE1	1:A:295:GLU:OE1	0.62	2.52	7	1
1:A:303:ILE:HG23	1:A:413:LEU:CD2	0.62	2.23	8	1
1:A:339:VAL:O	1:A:347:PHE:CA	0.62	2.47	9	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:246:PRO:C	1:A:346:GLY:HA2	0.62	2.19	3	6
1:A:350:ARG:O	1:A:352:PHE:N	0.62	2.33	3	7
1:A:314:GLN:HA	1:A:317:LEU:HD21	0.62	1.72	2	4
1:A:331:ALA:HB1	1:A:371:ALA:HB2	0.62	1.68	1	1
1:A:441:ASP:O	1:A:445:ILE:HG12	0.62	1.95	2	2
1:A:392:ILE:CG2	1:A:393:LEU:HD23	0.62	2.22	4	1
1:A:357:ARG:H	1:A:361:GLY:HA3	0.61	1.54	2	1
1:A:410:GLN:HG2	1:A:413:LEU:HD12	0.61	1.72	9	4
1:A:306:PHE:CZ	1:A:392:ILE:CG2	0.61	2.82	6	1
1:A:356:LEU:C	1:A:361:GLY:HA3	0.61	2.19	6	1
1:A:465:LEU:HD21	1:A:469:LEU:HD13	0.61	1.70	8	1
1:A:331:ALA:HB2	1:A:370:PHE:CD2	0.61	2.30	9	1
1:A:450:VAL:O	1:A:454:GLN:CB	0.61	2.48	4	9
1:A:359:PRO:CG	1:A:456:ILE:HD11	0.61	2.24	2	2
1:A:306:PHE:CE2	1:A:392:ILE:HD13	0.61	2.30	5	1
1:A:234:ARG:NH1	1:A:332:SER:O	0.61	2.31	9	2
1:A:326:ILE:O	1:A:330:LEU:CG	0.61	2.48	2	8
1:A:211:LEU:HA	1:A:419:LEU:HD11	0.61	1.72	6	2
1:A:248:VAL:CG1	1:A:346:GLY:HA3	0.61	2.24	9	1
1:A:466:HIS:ND1	1:A:468:LEU:HD12	0.61	2.10	1	1
1:A:388:ILE:HG22	1:A:389:ALA:N	0.61	2.10	7	3
1:A:465:LEU:HD11	1:A:466:HIS:CD2	0.61	2.30	9	2
1:A:282:PHE:HB2	1:A:360:PHE:CD2	0.61	2.30	9	1
1:A:334:MET:CE	1:A:367:LYS:HB2	0.61	2.26	4	3
1:A:353:LEU:O	1:A:356:LEU:CG	0.61	2.48	1	7
1:A:438:LYS:O	1:A:439:MET:C	0.61	2.44	8	9
1:A:248:VAL:C	1:A:249:ILE:HG23	0.61	2.19	9	1
1:A:394:SER:OG	1:A:397:ARG:CG	0.61	2.48	1	1
1:A:465:LEU:HG	1:A:469:LEU:HD22	0.61	1.72	5	3
1:A:219:TYR:CE2	1:A:382:SER:CA	0.61	2.80	4	1
1:A:341:ILE:C	1:A:341:ILE:CD1	0.61	2.68	4	1
1:A:400:LEU:HD13	1:A:403:VAL:CG2	0.61	2.25	4	2
1:A:380:ASP:O	1:A:381:ASP:C	0.61	2.43	6	8
1:A:248:VAL:O	1:A:248:VAL:HG23	0.61	1.94	6	1
1:A:228:LEU:HD12	1:A:333:LEU:HD11	0.61	1.73	8	1
1:A:218:LEU:O	1:A:222:TYR:CB	0.61	2.48	4	7
1:A:276:GLU:OE1	1:A:357:ARG:NE	0.61	2.34	7	8
1:A:331:ALA:HA	1:A:371:ALA:CB	0.61	2.24	2	5
1:A:390:VAL:HG11	1:A:414:LEU:HD12	0.61	1.72	2	2
1:A:370:PHE:CE1	1:A:374:PHE:CG	0.61	2.89	8	3
1:A:335:ASN:N	1:A:338:GLY:O	0.61	2.34	2	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:223:ILE:HD13	1:A:223:ILE:C	0.61	2.19	3	1
1:A:466:HIS:CE1	1:A:468:LEU:CB	0.61	2.84	3	5
1:A:341:ILE:HD13	1:A:341:ILE:O	0.61	1.95	4	1
1:A:466:HIS:ND1	1:A:467:PRO:N	0.61	2.49	6	1
1:A:394:SER:HB3	1:A:400:LEU:HD13	0.61	1.71	9	1
1:A:321:GLY:O	1:A:324:GLU:N	0.61	2.33	2	7
1:A:378:GLU:O	1:A:379:LEU:HD22	0.61	1.96	2	2
1:A:222:TYR:CE1	1:A:388:ILE:CG2	0.61	2.84	5	1
1:A:323:HIS:O	1:A:327:TYR:CD2	0.60	2.54	1	3
1:A:466:HIS:CG	1:A:470:GLN:HA	0.60	2.30	6	1
1:A:277:VAL:HG13	1:A:356:LEU:CB	0.60	2.26	8	1
1:A:211:LEU:HA	1:A:419:LEU:CD2	0.60	2.24	9	1
1:A:214:LEU:O	1:A:218:LEU:N	0.60	2.32	4	4
1:A:287:PHE:CD2	1:A:291:GLU:OE1	0.60	2.54	3	5
1:A:216:LYS:O	1:A:220:ASP:CG	0.60	2.44	9	4
1:A:370:PHE:HB2	1:A:445:ILE:HD11	0.60	1.73	9	3
1:A:441:ASP:O	1:A:445:ILE:HD11	0.60	1.96	2	1
1:A:278:ALA:HA	1:A:356:LEU:HD13	0.60	1.73	6	1
1:A:317:LEU:HD23	1:A:318:LEU:H	0.60	1.52	9	1
1:A:324:GLU:CB	1:A:391:ILE:CG2	0.60	2.79	6	6
1:A:430:GLN:CB	1:A:433:ALA:HB3	0.60	2.26	2	6
1:A:334:MET:CG	1:A:368:PHE:HA	0.60	2.26	5	3
1:A:312:ASN:HB2	1:A:401:LEU:CD1	0.60	2.25	9	6
1:A:277:VAL:C	1:A:356:LEU:HD22	0.60	2.21	6	1
1:A:249:ILE:O	1:A:349:THR:HG23	0.60	1.96	6	3
1:A:393:LEU:O	1:A:395:GLY:N	0.60	2.35	1	1
1:A:393:LEU:CB	1:A:410:GLN:CG	0.60	2.79	7	5
1:A:211:LEU:CD1	1:A:419:LEU:HD22	0.60	2.27	2	1
1:A:237:LEU:HD21	1:A:335:ASN:HA	0.60	1.71	3	3
1:A:237:LEU:HD13	1:A:340:LEU:HD11	0.60	1.71	5	2
1:A:466:HIS:CD2	1:A:467:PRO:HD2	0.60	2.31	6	1
1:A:379:LEU:HD23	1:A:435:LEU:HD11	0.60	1.73	7	1
1:A:219:TYR:O	1:A:223:ILE:N	0.60	2.30	2	4
1:A:314:GLN:O	1:A:317:LEU:CD1	0.60	2.50	2	5
1:A:318:LEU:O	1:A:322:VAL:HG12	0.60	1.97	9	2
1:A:418:GLU:CB	1:A:432:PHE:CD2	0.60	2.85	9	3
1:A:336:LYS:O	1:A:368:PHE:CE1	0.60	2.53	7	2
1:A:389:ALA:C	1:A:413:LEU:HD13	0.60	2.21	9	2
1:A:390:VAL:HG13	1:A:410:GLN:NE2	0.60	2.11	5	2
1:A:327:TYR:CZ	1:A:442:LEU:HB3	0.60	2.31	2	1
1:A:390:VAL:HG11	1:A:414:LEU:CD1	0.60	2.26	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:393:LEU:CA	1:A:406:ILE:HG23	0.60	2.26	4	2
1:A:276:GLU:CG	1:A:278:ALA:H	0.60	2.10	6	4
1:A:339:VAL:O	1:A:347:PHE:HB2	0.60	1.97	9	3
1:A:392:ILE:HG22	1:A:393:LEU:N	0.60	2.11	3	2
1:A:334:MET:HE2	1:A:367:LYS:HB3	0.60	1.73	4	2
1:A:248:VAL:O	1:A:248:VAL:CG2	0.60	2.49	6	1
1:A:325:ILE:CG1	1:A:388:ILE:CD1	0.60	2.79	6	1
1:A:248:VAL:C	1:A:249:ILE:CG2	0.60	2.74	9	1
1:A:237:LEU:CD1	1:A:340:LEU:CD2	0.60	2.80	3	5
1:A:211:LEU:HD22	1:A:419:LEU:CG	0.60	2.27	4	2
1:A:299:TYR:CE2	1:A:388:ILE:HG21	0.60	2.32	7	3
1:A:432:PHE:CD1	1:A:436:LEU:CD2	0.60	2.85	4	1
1:A:332:SER:CB	1:A:378:GLU:OE2	0.60	2.50	8	1
1:A:222:TYR:HB2	1:A:299:TYR:CE1	0.59	2.32	9	5
1:A:287:PHE:CE2	1:A:291:GLU:OE2	0.59	2.54	1	4
1:A:351:GLU:O	1:A:355:SER:CB	0.59	2.51	6	9
1:A:405:PRO:O	1:A:409:ILE:HG12	0.59	1.97	8	6
1:A:419:LEU:HD23	1:A:420:GLN:H	0.59	1.57	6	4
1:A:433:ALA:O	1:A:437:GLN:HG3	0.59	1.97	5	9
1:A:441:ASP:O	1:A:445:ILE:CG1	0.59	2.50	2	7
1:A:363:PHE:CB	1:A:452:LEU:HD11	0.59	2.26	2	1
1:A:421:LEU:HD21	1:A:431:LEU:HD21	0.59	1.74	3	1
1:A:360:PHE:CD1	1:A:456:ILE:HD12	0.59	2.32	4	1
1:A:402:ASN:C	1:A:406:ILE:HD13	0.59	2.21	4	2
1:A:303:ILE:CG2	1:A:409:ILE:CG2	0.59	2.80	9	2
1:A:310:ASP:N	1:A:314:GLN:NE2	0.59	2.50	4	8
1:A:350:ARG:NE	1:A:365:GLU:OE1	0.59	2.35	1	1
1:A:466:HIS:CE1	1:A:468:LEU:HB2	0.59	2.32	3	5
1:A:222:TYR:OH	1:A:229:THR:HG22	0.59	1.96	4	1
1:A:225:SER:OG	1:A:295:GLU:O	0.59	2.20	1	4
1:A:292:ALA:CB	1:A:326:ILE:HG12	0.59	2.27	1	9
1:A:299:TYR:O	1:A:299:TYR:CD1	0.59	2.55	1	4
1:A:380:ASP:O	1:A:382:SER:N	0.59	2.35	6	8
1:A:324:GLU:HA	1:A:327:TYR:CD1	0.59	2.32	2	1
1:A:341:ILE:CG2	1:A:348:MET:N	0.59	2.65	2	2
1:A:324:GLU:OE1	1:A:397:ARG:NH2	0.59	2.34	3	1
1:A:297:THR:HA	1:A:300:ALA:HB3	0.59	1.74	5	1
1:A:379:LEU:HD12	1:A:425:HIS:ND1	0.59	2.13	7	1
1:A:387:PHE:CE2	1:A:388:ILE:HD12	0.59	2.32	7	1
1:A:296:ILE:HG21	1:A:392:ILE:CD1	0.59	2.27	9	1
1:A:334:MET:CE	1:A:367:LYS:C	0.59	2.74	9	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:379:LEU:HD12	1:A:425:HIS:CD2	0.59	2.31	7	2
1:A:355:SER:O	1:A:356:LEU:O	0.59	2.20	6	1
1:A:466:HIS:CB	1:A:467:PRO:CD	0.59	2.80	3	8
1:A:449:HIS:CD2	1:A:450:VAL:HG23	0.59	2.33	2	3
1:A:211:LEU:HD13	1:A:419:LEU:CD2	0.59	2.25	6	2
1:A:330:LEU:O	1:A:334:MET:HG2	0.59	1.98	4	4
1:A:358:LYS:N	1:A:359:PRO:CD	0.59	2.65	1	7
1:A:219:TYR:CE1	1:A:382:SER:CA	0.59	2.81	2	1
1:A:325:ILE:HG21	1:A:388:ILE:HG13	0.59	1.73	3	1
1:A:396:ASP:C	1:A:397:ARG:HE	0.59	2.06	3	1
1:A:353:LEU:O	1:A:356:LEU:CD2	0.59	2.50	4	4
1:A:420:GLN:CD	1:A:424:ASN:ND2	0.59	2.61	8	3
1:A:450:VAL:HG13	1:A:473:TYR:OH	0.59	1.97	9	1
1:A:363:PHE:CZ	1:A:452:LEU:CB	0.59	2.86	1	1
1:A:397:ARG:NH1	1:A:443:ARG:CD	0.59	2.65	3	1
1:A:380:ASP:OD1	1:A:383:ASP:CG	0.59	2.45	1	5
1:A:418:GLU:HB2	1:A:432:PHE:CG	0.59	2.33	1	4
1:A:436:LEU:O	1:A:438:LYS:N	0.59	2.36	6	9
1:A:211:LEU:O	1:A:215:ALA:CB	0.59	2.50	9	2
1:A:379:LEU:CD1	1:A:425:HIS:CE1	0.59	2.86	7	1
1:A:287:PHE:CZ	1:A:291:GLU:OE2	0.59	2.56	1	3
1:A:409:ILE:O	1:A:413:LEU:HG	0.59	1.98	5	9
1:A:438:LYS:O	1:A:440:THR:N	0.59	2.35	2	9
1:A:233:ALA:CB	1:A:340:LEU:CD2	0.59	2.79	3	1
1:A:393:LEU:C	1:A:410:GLN:HG3	0.59	2.23	3	3
1:A:211:LEU:HD11	1:A:212:ARG:NH1	0.59	2.12	4	1
1:A:287:PHE:CG	1:A:291:GLU:OE1	0.58	2.56	3	3
1:A:384:LEU:C	1:A:386:ILE:N	0.58	2.59	4	4
1:A:402:ASN:C	1:A:405:PRO:CD	0.58	2.70	6	2
1:A:421:LEU:CD2	1:A:425:HIS:CE1	0.58	2.85	6	1
1:A:358:LYS:HG2	1:A:359:PRO:HD3	0.58	1.73	1	7
1:A:382:SER:CB	1:A:420:GLN:NE2	0.58	2.67	7	4
1:A:246:PRO:C	1:A:346:GLY:CA	0.58	2.76	6	2
1:A:322:VAL:O	1:A:326:ILE:CD1	0.58	2.51	5	2
1:A:357:ARG:NH1	1:A:360:PHE:CE2	0.58	2.71	1	1
1:A:232:LYS:O	1:A:236:ILE:CD1	0.58	2.51	6	2
1:A:280:ARG:HG3	1:A:281:ILE:N	0.58	2.12	5	1
1:A:348:MET:CE	1:A:352:PHE:CD2	0.58	2.85	7	1
1:A:363:PHE:CG	1:A:452:LEU:HD22	0.58	2.33	8	1
1:A:418:GLU:O	1:A:422:LYS:CB	0.58	2.51	1	3
1:A:466:HIS:CE1	1:A:469:LEU:N	0.58	2.71	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:237:LEU:HD21	1:A:335:ASN:HB2	0.58	1.75	3	2
1:A:224:LYS:CB	1:A:299:TYR:CE2	0.58	2.85	5	1
1:A:339:VAL:O	1:A:347:PHE:HA	0.58	1.97	4	5
1:A:374:PHE:CZ	1:A:442:LEU:CD2	0.58	2.80	1	2
1:A:436:LEU:C	1:A:438:LYS:N	0.58	2.59	6	9
1:A:365:GLU:O	1:A:365:GLU:OE1	0.58	2.22	9	2
1:A:353:LEU:HD12	1:A:354:LYS:CD	0.58	2.27	8	1
1:A:337:ASP:CG	1:A:350:ARG:NH1	0.58	2.62	1	1
1:A:354:LYS:HA	1:A:361:GLY:C	0.58	2.24	1	4
1:A:383:ASP:OD2	1:A:425:HIS:NE2	0.58	2.37	9	5
1:A:390:VAL:C	1:A:410:GLN:NE2	0.58	2.61	4	1
1:A:310:ASP:O	1:A:314:GLN:CD	0.58	2.46	1	8
1:A:219:TYR:OH	1:A:382:SER:CA	0.58	2.51	4	1
1:A:365:GLU:O	1:A:369:GLU:CB	0.58	2.51	5	1
1:A:229:THR:O	1:A:233:ALA:CB	0.58	2.52	5	4
1:A:357:ARG:O	1:A:358:LYS:C	0.58	2.45	2	7
1:A:374:PHE:CE2	1:A:441:ASP:OD1	0.58	2.57	3	1
1:A:222:TYR:CG	1:A:385:ALA:CB	0.58	2.87	7	2
1:A:313:ASP:O	1:A:317:LEU:CD2	0.58	2.52	4	4
1:A:335:ASN:OD1	1:A:337:ASP:N	0.58	2.36	1	7
1:A:331:ALA:HA	1:A:334:MET:SD	0.58	2.39	2	2
1:A:414:LEU:HD22	1:A:432:PHE:CD2	0.58	2.34	3	1
1:A:453:LEU:HD12	1:A:457:LYS:CE	0.58	2.29	3	1
1:A:348:MET:HE3	1:A:352:PHE:HD2	0.58	1.56	4	1
1:A:221:SER:O	1:A:299:TYR:CG	0.58	2.52	5	1
1:A:379:LEU:N	1:A:379:LEU:CD2	0.58	2.67	7	1
1:A:211:LEU:C	1:A:211:LEU:HD12	0.57	2.23	1	5
1:A:231:ALA:O	1:A:235:ALA:CB	0.57	2.51	1	1
1:A:331:ALA:O	1:A:371:ALA:HB1	0.57	1.99	6	4
1:A:353:LEU:O	1:A:356:LEU:HD11	0.57	1.99	4	7
1:A:329:MET:SD	1:A:333:LEU:HD11	0.57	2.38	2	1
1:A:358:LYS:CB	1:A:359:PRO:HD3	0.57	2.28	5	3
1:A:226:PHE:CD2	1:A:228:LEU:O	0.57	2.56	3	1
1:A:374:PHE:CZ	1:A:441:ASP:OD1	0.57	2.57	3	1
1:A:379:LEU:CD1	1:A:435:LEU:CD1	0.57	2.76	3	1
1:A:222:TYR:CE1	1:A:388:ILE:HG21	0.57	2.34	5	1
1:A:248:VAL:HG22	1:A:347:PHE:HE2	0.57	1.59	1	2
1:A:331:ALA:CB	1:A:371:ALA:CB	0.57	2.82	7	5
1:A:393:LEU:O	1:A:394:SER:C	0.57	2.46	1	1
1:A:467:PRO:C	1:A:469:LEU:N	0.57	2.61	9	8
1:A:395:GLY:HA3	1:A:403:VAL:HG22	0.57	1.74	2	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:219:TYR:OH	1:A:382:SER:HB3	0.57	1.98	4	1
1:A:395:GLY:N	1:A:406:ILE:CG2	0.57	2.67	6	2
1:A:222:TYR:C	1:A:224:LYS:N	0.57	2.61	7	9
1:A:386:ILE:O	1:A:390:VAL:HG23	0.57	1.99	2	1
1:A:317:LEU:HD12	1:A:318:LEU:N	0.57	2.13	3	1
1:A:327:TYR:CB	1:A:442:LEU:CD1	0.57	2.83	3	1
1:A:248:VAL:HG23	1:A:249:ILE:H	0.57	1.58	9	1
1:A:366:PRO:O	1:A:445:ILE:CD1	0.57	2.52	9	1
1:A:278:ALA:C	1:A:280:ARG:N	0.57	2.62	3	8
1:A:330:LEU:O	1:A:331:ALA:C	0.57	2.47	2	7
1:A:393:LEU:HG	1:A:409:ILE:CG2	0.57	2.29	7	7
1:A:247:PHE:C	1:A:247:PHE:CD1	0.57	2.81	3	3
1:A:393:LEU:HD11	1:A:413:LEU:HD11	0.57	1.77	4	2
1:A:453:LEU:HD22	1:A:453:LEU:O	0.57	1.98	4	1
1:A:370:PHE:CD1	1:A:374:PHE:CD1	0.57	2.93	8	2
1:A:379:LEU:N	1:A:379:LEU:HD22	0.57	2.14	7	1
1:A:389:ALA:HA	1:A:392:ILE:CG1	0.57	2.27	7	1
1:A:214:LEU:HD23	1:A:416:ALA:CB	0.57	2.29	9	4
1:A:221:SER:CB	1:A:302:SER:HB3	0.57	2.28	1	6
1:A:293:VAL:HA	1:A:322:VAL:HG21	0.57	1.76	8	4
1:A:368:PHE:CG	1:A:369:GLU:N	0.57	2.72	5	2
1:A:370:PHE:CB	1:A:445:ILE:CD1	0.57	2.82	3	3
1:A:333:LEU:N	1:A:333:LEU:CD2	0.57	2.68	4	2
1:A:338:GLY:N	1:A:368:PHE:CE2	0.57	2.72	2	3
1:A:327:TYR:HA	1:A:330:LEU:HB2	0.57	1.76	5	3
1:A:282:PHE:CD1	1:A:360:PHE:CE2	0.57	2.92	4	2
1:A:341:ILE:HD12	1:A:348:MET:N	0.57	2.13	4	1
1:A:360:PHE:CD1	1:A:456:ILE:CD1	0.57	2.87	6	1
1:A:363:PHE:CG	1:A:452:LEU:CD1	0.57	2.85	2	1
1:A:439:MET:O	1:A:440:THR:O	0.57	2.23	2	4
1:A:287:PHE:CE2	1:A:288:ARG:NH2	0.57	2.72	1	1
1:A:386:ILE:HD13	1:A:416:ALA:HB1	0.57	1.76	1	1
1:A:327:TYR:CD2	1:A:442:LEU:C	0.57	2.83	2	1
1:A:339:VAL:HG13	1:A:368:PHE:CZ	0.57	2.34	2	1
1:A:393:LEU:HD12	1:A:409:ILE:C	0.57	2.25	8	2
1:A:234:ARG:O	1:A:239:GLY:N	0.57	2.38	5	1
1:A:370:PHE:CZ	1:A:374:PHE:CE1	0.57	2.93	9	1
1:A:332:SER:C	1:A:334:MET:H	0.57	2.08	5	4
1:A:309:LEU:CD1	1:A:393:LEU:CD1	0.57	2.82	2	1
1:A:292:ALA:CB	1:A:326:ILE:CD1	0.57	2.83	6	2
1:A:323:HIS:CD2	1:A:446:VAL:CG1	0.57	2.86	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:226:PHE:CD1	1:A:227:PRO:HD2	0.57	2.34	7	1
1:A:229:THR:O	1:A:233:ALA:N	0.57	2.29	1	2
1:A:456:ILE:CD1	1:A:457:LYS:N	0.57	2.66	1	2
1:A:370:PHE:CD1	1:A:441:ASP:HB2	0.57	2.35	7	2
1:A:382:SER:HB2	1:A:420:GLN:NE2	0.57	2.15	2	6
1:A:230:LYS:NZ	1:A:384:LEU:HD11	0.57	2.14	3	1
1:A:249:ILE:HG22	1:A:349:THR:HG21	0.57	1.75	9	1
1:A:247:PHE:N	1:A:346:GLY:HA2	0.56	2.15	5	7
1:A:417:LEU:CD1	1:A:418:GLU:N	0.56	2.68	1	9
1:A:439:MET:O	1:A:442:LEU:N	0.56	2.38	1	8
1:A:358:LYS:CG	1:A:359:PRO:CD	0.56	2.83	5	4
1:A:371:ALA:C	1:A:375:ASN:OD1	0.56	2.48	6	3
1:A:440:THR:O	1:A:444:GLN:CB	0.56	2.53	6	5
1:A:318:LEU:CA	1:A:322:VAL:HG13	0.56	2.30	5	1
1:A:248:VAL:O	1:A:249:ILE:HG22	0.56	1.99	9	1
1:A:339:VAL:HG11	1:A:364:MET:CG	0.56	2.30	1	1
1:A:350:ARG:C	1:A:352:PHE:N	0.56	2.61	3	9
1:A:453:LEU:O	1:A:457:LYS:HB3	0.56	2.00	1	2
1:A:211:LEU:HD11	1:A:416:ALA:HA	0.56	1.76	2	1
1:A:357:ARG:O	1:A:361:GLY:CA	0.56	2.53	3	3
1:A:391:ILE:CG2	1:A:391:ILE:O	0.56	2.52	3	1
1:A:347:PHE:O	1:A:347:PHE:CG	0.56	2.58	4	3
1:A:396:ASP:CG	1:A:397:ARG:CZ	0.56	2.78	9	1
1:A:278:ALA:HB1	1:A:360:PHE:CB	0.56	2.30	1	1
1:A:313:ASP:N	1:A:401:LEU:CD1	0.56	2.68	1	2
1:A:334:MET:SD	1:A:339:VAL:CG1	0.56	2.93	1	1
1:A:437:GLN:O	1:A:440:THR:HG23	0.56	1.99	2	4
1:A:230:LYS:CD	1:A:384:LEU:CD1	0.56	2.84	3	1
1:A:282:PHE:CG	1:A:360:PHE:CD2	0.56	2.94	4	1
1:A:400:LEU:HB3	1:A:403:VAL:HG23	0.56	1.77	4	1
1:A:281:ILE:HG21	1:A:356:LEU:HD11	0.56	1.77	5	1
1:A:323:HIS:HD2	1:A:446:VAL:HG21	0.56	1.51	5	1
1:A:366:PRO:O	1:A:445:ILE:HD13	0.56	2.01	7	2
1:A:379:LEU:HD13	1:A:421:LEU:HD23	0.56	1.76	6	1
1:A:402:ASN:O	1:A:406:ILE:HG12	0.56	1.97	9	1
1:A:350:ARG:NH2	1:A:365:GLU:OE2	0.56	2.38	1	1
1:A:382:SER:HB3	1:A:420:GLN:NE2	0.56	2.16	1	3
1:A:318:LEU:C	1:A:322:VAL:HG23	0.56	2.25	4	1
1:A:234:ARG:NH1	1:A:237:LEU:CD1	0.56	2.69	1	2
1:A:211:LEU:HD11	1:A:416:ALA:CA	0.56	2.30	2	1
1:A:219:TYR:OH	1:A:386:ILE:HD12	0.56	2.00	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:339:VAL:HB	1:A:368:PHE:CE1	0.56	2.35	6	3
1:A:221:SER:OG	1:A:299:TYR:CE1	0.56	2.57	4	1
1:A:225:SER:N	1:A:299:TYR:CD2	0.56	2.74	5	1
1:A:414:LEU:CD1	1:A:415:GLN:N	0.56	2.68	5	1
1:A:386:ILE:HG21	1:A:417:LEU:N	0.56	2.15	6	1
1:A:309:LEU:HD22	1:A:405:PRO:HB2	0.56	1.78	6	3
1:A:219:TYR:CD1	1:A:385:ALA:CB	0.56	2.88	2	1
1:A:317:LEU:HD23	1:A:400:LEU:HD22	0.56	1.78	2	1
1:A:277:VAL:CG1	1:A:356:LEU:CD2	0.56	2.84	3	1
1:A:348:MET:CG	1:A:353:LEU:HD21	0.56	2.30	3	1
1:A:419:LEU:C	1:A:423:LEU:HD12	0.56	2.26	4	2
1:A:211:LEU:HD21	1:A:423:LEU:CD1	0.56	2.30	6	1
1:A:306:PHE:CE1	1:A:392:ILE:HG22	0.56	2.35	6	1
1:A:350:ARG:O	1:A:354:LYS:N	0.56	2.31	6	1
1:A:374:PHE:CG	1:A:377:LEU:HD21	0.56	2.35	1	1
1:A:418:GLU:CB	1:A:432:PHE:CD1	0.56	2.89	7	3
1:A:312:ASN:O	1:A:313:ASP:C	0.56	2.49	3	7
1:A:377:LEU:O	1:A:379:LEU:CD2	0.56	2.54	2	2
1:A:380:ASP:CG	1:A:382:SER:HG	0.56	2.09	2	2
1:A:374:PHE:O	1:A:377:LEU:CD2	0.56	2.54	9	1
1:A:305:GLY:O	1:A:309:LEU:CD2	0.56	2.54	2	8
1:A:331:ALA:CA	1:A:371:ALA:CB	0.56	2.83	5	9
1:A:339:VAL:C	1:A:347:PHE:HB2	0.56	2.26	9	3
1:A:392:ILE:C	1:A:394:SER:N	0.56	2.64	7	7
1:A:418:GLU:HB2	1:A:432:PHE:CD1	0.56	2.36	1	2
1:A:353:LEU:HD21	1:A:368:PHE:HZ	0.56	1.60	2	1
1:A:466:HIS:CE1	1:A:467:PRO:HD2	0.56	2.35	6	1
1:A:354:LYS:NZ	1:A:365:GLU:OE1	0.56	2.37	8	1
1:A:292:ALA:C	1:A:296:ILE:CD1	0.56	2.78	9	5
1:A:305:GLY:O	1:A:309:LEU:CG	0.56	2.53	2	2
1:A:247:PHE:O	1:A:247:PHE:CD1	0.56	2.59	3	3
1:A:360:PHE:CE1	1:A:456:ILE:CD1	0.56	2.72	6	2
1:A:472:ILE:O	1:A:473:TYR:C	0.56	2.49	6	1
1:A:287:PHE:CE1	1:A:291:GLU:CD	0.56	2.84	1	3
1:A:430:GLN:HB2	1:A:433:ALA:HB3	0.56	1.76	2	6
1:A:340:LEU:C	1:A:341:ILE:CG2	0.56	2.79	8	4
1:A:396:ASP:O	1:A:397:ARG:NE	0.56	2.39	3	2
1:A:317:LEU:HB3	1:A:400:LEU:HD21	0.56	1.78	5	1
1:A:363:PHE:CG	1:A:363:PHE:O	0.56	2.59	9	1
1:A:249:ILE:O	1:A:249:ILE:HG22	0.55	2.00	5	5
1:A:325:ILE:HD11	1:A:392:ILE:N	0.55	2.17	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:350:ARG:CZ	1:A:365:GLU:CD	0.55	2.79	2	2
1:A:314:GLN:CD	1:A:314:GLN:N	0.55	2.63	2	1
1:A:350:ARG:HB2	1:A:368:PHE:CD2	0.55	2.36	4	2
1:A:388:ILE:CG2	1:A:389:ALA:N	0.55	2.69	4	5
1:A:333:LEU:O	1:A:340:LEU:N	0.55	2.39	5	3
1:A:393:LEU:HB3	1:A:410:GLN:HG3	0.55	1.77	3	6
1:A:281:ILE:HD13	1:A:353:LEU:HA	0.55	1.77	6	1
1:A:296:ILE:HD13	1:A:322:VAL:HG22	0.55	1.76	8	1
1:A:222:TYR:CG	1:A:299:TYR:CD2	0.55	2.94	3	2
1:A:393:LEU:C	1:A:406:ILE:CG2	0.55	2.79	4	5
1:A:400:LEU:C	1:A:401:LEU:HD23	0.55	2.25	3	1
1:A:323:HIS:HB3	1:A:327:TYR:CE2	0.55	2.36	7	2
1:A:246:PRO:O	1:A:248:VAL:HG23	0.55	2.01	8	1
1:A:323:HIS:O	1:A:327:TYR:CD1	0.55	2.60	8	1
1:A:247:PHE:N	1:A:346:GLY:CA	0.55	2.69	8	3
1:A:353:LEU:O	1:A:356:LEU:HD12	0.55	2.01	5	2
1:A:218:LEU:HD12	1:A:386:ILE:CG2	0.55	2.24	3	1
1:A:379:LEU:HD23	1:A:379:LEU:N	0.55	2.16	3	1
1:A:387:PHE:CD2	1:A:391:ILE:HD11	0.55	2.37	8	1
1:A:284:GLY:C	1:A:286:GLN:N	0.55	2.63	3	9
1:A:390:VAL:HA	1:A:410:GLN:CD	0.55	2.27	3	1
1:A:358:LYS:O	1:A:362:ASP:OD1	0.55	2.25	6	1
1:A:219:TYR:O	1:A:223:ILE:HD13	0.55	2.02	4	2
1:A:334:MET:HE3	1:A:367:LYS:HB3	0.55	1.76	3	2
1:A:465:LEU:HD12	1:A:466:HIS:CD2	0.55	2.37	4	5
1:A:309:LEU:HB2	1:A:314:GLN:HG3	0.55	1.78	4	2
1:A:234:ARG:NH1	1:A:237:LEU:CD2	0.55	2.67	5	1
1:A:222:TYR:CD2	1:A:385:ALA:HB2	0.55	2.37	8	5
1:A:291:GLU:O	1:A:292:ALA:C	0.55	2.49	2	9
1:A:337:ASP:HA	1:A:350:ARG:NH1	0.55	2.15	1	1
1:A:236:ILE:HD11	1:A:340:LEU:CD1	0.55	2.31	2	1
1:A:330:LEU:O	1:A:334:MET:N	0.55	2.40	2	1
1:A:363:PHE:CD2	1:A:452:LEU:HD21	0.55	2.36	2	1
1:A:325:ILE:CD1	1:A:392:ILE:HD12	0.55	2.31	3	2
1:A:339:VAL:HB	1:A:368:PHE:CZ	0.55	2.37	6	2
1:A:237:LEU:C	1:A:238:THR:CG2	0.55	2.78	5	1
1:A:222:TYR:CD2	1:A:385:ALA:HB1	0.55	2.37	1	1
1:A:337:ASP:O	1:A:349:THR:HA	0.55	2.00	9	5
1:A:365:GLU:OE1	1:A:365:GLU:HA	0.55	2.01	9	4
1:A:357:ARG:O	1:A:361:GLY:HA3	0.55	2.01	4	3
1:A:393:LEU:CA	1:A:410:GLN:HG3	0.55	2.32	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:237:LEU:O	1:A:238:THR:CB	0.55	2.54	5	2
1:A:332:SER:OG	1:A:333:LEU:HD13	0.55	2.02	5	1
1:A:221:SER:HB2	1:A:302:SER:HB2	0.55	1.78	8	2
1:A:323:HIS:CD2	1:A:327:TYR:CE2	0.55	2.95	7	1
1:A:465:LEU:C	1:A:465:LEU:CD2	0.55	2.78	7	2
1:A:225:SER:HB2	1:A:299:TYR:CB	0.55	2.30	4	5
1:A:326:ILE:HG22	1:A:330:LEU:CD1	0.55	2.32	5	5
1:A:393:LEU:HD12	1:A:409:ILE:HB	0.55	1.79	3	1
1:A:328:THR:OG1	1:A:387:PHE:CE1	0.55	2.59	6	1
1:A:248:VAL:HG13	1:A:346:GLY:CA	0.55	2.31	9	1
1:A:374:PHE:C	1:A:376:ALA:N	0.54	2.64	1	9
1:A:380:ASP:C	1:A:382:SER:N	0.54	2.63	7	9
1:A:466:HIS:CE1	1:A:469:LEU:HG	0.54	2.36	7	2
1:A:296:ILE:CG2	1:A:392:ILE:CD1	0.54	2.85	2	1
1:A:365:GLU:CA	1:A:365:GLU:OE1	0.54	2.56	2	2
1:A:247:PHE:CZ	1:A:249:ILE:CD1	0.54	2.91	3	1
1:A:421:LEU:HD13	1:A:425:HIS:CE1	0.54	2.37	3	1
1:A:431:LEU:HD13	1:A:431:LEU:O	0.54	2.02	4	1
1:A:222:TYR:CZ	1:A:388:ILE:HG22	0.54	2.36	5	1
1:A:316:THR:CG2	1:A:400:LEU:HA	0.54	2.31	9	1
1:A:397:ARG:HB3	1:A:398:PRO:HD2	0.54	1.77	9	1
1:A:436:LEU:O	1:A:439:MET:HG2	0.54	2.01	6	7
1:A:467:PRO:O	1:A:469:LEU:N	0.54	2.40	9	7
1:A:334:MET:HE3	1:A:368:PHE:CD1	0.54	2.35	4	2
1:A:222:TYR:OH	1:A:389:ALA:HB2	0.54	2.02	5	1
1:A:279:ILE:HD13	1:A:279:ILE:C	0.54	2.27	6	1
1:A:420:GLN:NE2	1:A:424:ASN:CG	0.54	2.66	9	1
1:A:415:GLN:O	1:A:419:LEU:N	0.54	2.39	6	3
1:A:375:ASN:ND2	1:A:378:GLU:OE1	0.54	2.41	2	1
1:A:379:LEU:HG	1:A:425:HIS:CE1	0.54	2.38	2	2
1:A:248:VAL:HG12	1:A:347:PHE:CE2	0.54	2.38	6	1
1:A:389:ALA:O	1:A:413:LEU:CD1	0.54	2.56	7	2
1:A:374:PHE:CZ	1:A:438:LYS:HD2	0.54	2.36	8	1
1:A:321:GLY:C	1:A:323:HIS:N	0.54	2.65	3	9
1:A:392:ILE:CG2	1:A:393:LEU:N	0.54	2.71	3	4
1:A:424:ASN:C	1:A:425:HIS:CG	0.54	2.86	8	2
1:A:439:MET:O	1:A:440:THR:C	0.54	2.50	6	9
1:A:219:TYR:OH	1:A:382:SER:C	0.54	2.50	2	2
1:A:393:LEU:HD12	1:A:406:ILE:CA	0.54	2.32	2	1
1:A:211:LEU:CD2	1:A:419:LEU:HG	0.54	2.32	9	2
1:A:374:PHE:CZ	1:A:438:LYS:CD	0.54	2.90	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:314:GLN:CA	1:A:317:LEU:HD22	0.54	2.32	9	1
1:A:377:LEU:HD12	1:A:379:LEU:HD21	0.54	1.79	9	1
1:A:327:TYR:HB2	1:A:442:LEU:CD1	0.54	2.32	3	3
1:A:309:LEU:HD11	1:A:393:LEU:CD1	0.54	2.27	2	2
1:A:358:LYS:O	1:A:362:ASP:OD2	0.54	2.26	6	2
1:A:440:THR:C	1:A:442:LEU:N	0.54	2.65	6	5
1:A:219:TYR:CZ	1:A:223:ILE:CD1	0.54	2.91	8	2
1:A:396:ASP:OD1	1:A:397:ARG:CZ	0.54	2.56	5	2
1:A:246:PRO:O	1:A:347:PHE:CZ	0.54	2.60	9	1
1:A:276:GLU:OE1	1:A:279:ILE:HD12	0.54	2.02	9	1
1:A:459:THR:O	1:A:459:THR:CG2	0.54	2.53	4	5
1:A:218:LEU:O	1:A:299:TYR:CZ	0.54	2.61	8	4
1:A:359:PRO:HA	1:A:452:LEU:HD22	0.54	1.80	3	1
1:A:327:TYR:O	1:A:370:PHE:CE2	0.54	2.61	4	1
1:A:293:VAL:HG13	1:A:322:VAL:CG1	0.54	2.32	5	1
1:A:442:LEU:O	1:A:446:VAL:CG2	0.54	2.56	5	3
1:A:321:GLY:O	1:A:323:HIS:N	0.54	2.41	3	8
1:A:383:ASP:OD1	1:A:420:GLN:NE2	0.54	2.41	7	4
1:A:226:PHE:HZ	1:A:329:MET:HE1	0.54	1.62	3	1
1:A:248:VAL:CG2	1:A:347:PHE:CE2	0.54	2.90	8	4
1:A:397:ARG:HB3	1:A:398:PRO:CD	0.54	2.32	3	2
1:A:276:GLU:HG2	1:A:278:ALA:HB3	0.54	1.80	5	2
1:A:248:VAL:CG1	1:A:347:PHE:CE2	0.54	2.91	8	2
1:A:324:GLU:HB2	1:A:391:ILE:CG2	0.54	2.32	2	7
1:A:377:LEU:CD1	1:A:435:LEU:CD1	0.54	2.86	1	1
1:A:400:LEU:HD13	1:A:406:ILE:CD1	0.54	2.33	1	1
1:A:397:ARG:HB2	1:A:398:PRO:CD	0.54	2.29	3	1
1:A:354:LYS:O	1:A:361:GLY:CA	0.54	2.56	4	1
1:A:368:PHE:CD1	1:A:369:GLU:N	0.54	2.76	5	1
1:A:218:LEU:HD12	1:A:299:TYR:OH	0.54	2.03	8	1
1:A:331:ALA:O	1:A:371:ALA:CB	0.54	2.56	1	1
1:A:364:MET:C	1:A:366:PRO:CD	0.54	2.73	8	2
1:A:379:LEU:CB	1:A:383:ASP:OD2	0.54	2.56	5	6
1:A:402:ASN:HB3	1:A:405:PRO:CD	0.54	2.33	1	7
1:A:403:VAL:CA	1:A:406:ILE:HD12	0.54	2.31	5	5
1:A:339:VAL:HG11	1:A:368:PHE:CE1	0.54	2.38	2	1
1:A:303:ILE:HG21	1:A:413:LEU:CD2	0.54	2.32	3	2
1:A:421:LEU:C	1:A:421:LEU:CD1	0.54	2.74	5	2
1:A:219:TYR:CZ	1:A:382:SER:CA	0.54	2.91	4	1
1:A:406:ILE:HD12	1:A:406:ILE:N	0.54	2.18	6	2
1:A:436:LEU:C	1:A:438:LYS:H	0.54	2.11	9	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:393:LEU:CD1	1:A:406:ILE:HA	0.54	2.32	2	4
1:A:281:ILE:CD1	1:A:352:PHE:CE2	0.54	2.85	3	1
1:A:323:HIS:NE2	1:A:446:VAL:HG21	0.54	2.13	3	2
1:A:392:ILE:HG22	1:A:393:LEU:CD2	0.54	2.29	4	1
1:A:314:GLN:HA	1:A:317:LEU:HD22	0.54	1.80	9	1
1:A:400:LEU:CD1	1:A:403:VAL:HG23	0.54	2.34	9	1
1:A:325:ILE:CG2	1:A:388:ILE:HD11	0.53	2.29	1	2
1:A:278:ALA:CB	1:A:360:PHE:O	0.53	2.55	2	1
1:A:290:VAL:O	1:A:293:VAL:CG1	0.53	2.55	6	3
1:A:299:TYR:CD1	1:A:299:TYR:O	0.53	2.61	4	1
1:A:380:ASP:OD1	1:A:382:SER:CB	0.53	2.56	4	1
1:A:393:LEU:HA	1:A:406:ILE:HG23	0.53	1.80	8	2
1:A:278:ALA:CB	1:A:360:PHE:CD2	0.53	2.91	5	1
1:A:353:LEU:HA	1:A:356:LEU:HD21	0.53	1.81	6	1
1:A:379:LEU:HD23	1:A:425:HIS:CD2	0.53	2.38	8	1
1:A:389:ALA:HA	1:A:392:ILE:HG22	0.53	1.80	9	1
1:A:296:ILE:CG1	1:A:325:ILE:HG21	0.53	2.31	1	3
1:A:329:MET:C	1:A:333:LEU:HD22	0.53	2.27	1	1
1:A:335:ASN:O	1:A:368:PHE:CG	0.53	2.62	1	1
1:A:351:GLU:O	1:A:355:SER:HB2	0.53	2.03	5	6
1:A:377:LEU:HD12	1:A:435:LEU:CD1	0.53	2.34	1	1
1:A:418:GLU:CD	1:A:418:GLU:C	0.53	2.76	1	1
1:A:430:GLN:O	1:A:433:ALA:N	0.53	2.42	8	7
1:A:299:TYR:CD1	1:A:302:SER:OG	0.53	2.61	2	2
1:A:396:ASP:C	1:A:397:ARG:NE	0.53	2.66	3	1
1:A:465:LEU:C	1:A:465:LEU:HD12	0.53	2.29	9	2
1:A:406:ILE:HD12	1:A:406:ILE:H	0.53	1.63	6	2
1:A:421:LEU:HD11	1:A:435:LEU:CD1	0.53	2.34	4	1
1:A:469:LEU:O	1:A:470:GLN:CG	0.53	2.56	6	1
1:A:249:ILE:CG2	1:A:341:ILE:CD1	0.53	2.86	7	1
1:A:452:LEU:O	1:A:456:ILE:HG23	0.53	2.04	8	1
1:A:331:ALA:HA	1:A:334:MET:HG3	0.53	1.79	5	2
1:A:371:ALA:O	1:A:375:ASN:CG	0.53	2.52	9	5
1:A:324:GLU:CA	1:A:327:TYR:CZ	0.53	2.89	2	1
1:A:327:TYR:CE1	1:A:442:LEU:HD12	0.53	2.38	2	1
1:A:324:GLU:OE2	1:A:391:ILE:HD12	0.53	2.03	3	1
1:A:390:VAL:C	1:A:410:GLN:OE1	0.53	2.52	3	1
1:A:394:SER:CB	1:A:410:GLN:OE1	0.53	2.57	3	1
1:A:395:GLY:HA2	1:A:403:VAL:HG22	0.53	1.81	4	2
1:A:362:ASP:OD1	1:A:362:ASP:O	0.53	2.26	5	1
1:A:237:LEU:HD12	1:A:340:LEU:HD11	0.53	1.81	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:246:PRO:HG2	1:A:347:PHE:CD2	0.53	2.38	9	1
1:A:324:GLU:O	1:A:391:ILE:HG21	0.53	2.04	9	5
1:A:418:GLU:HB2	1:A:432:PHE:CD2	0.53	2.38	2	6
1:A:218:LEU:HD11	1:A:413:LEU:HD22	0.53	1.79	3	1
1:A:306:PHE:HE2	1:A:392:ILE:HD13	0.53	1.63	5	1
1:A:226:PHE:CD1	1:A:295:GLU:CD	0.53	2.86	7	1
1:A:282:PHE:O	1:A:286:GLN:CB	0.53	2.57	7	5
1:A:313:ASP:OD1	1:A:406:ILE:CD1	0.53	2.56	1	1
1:A:222:TYR:CD2	1:A:385:ALA:HA	0.53	2.39	3	2
1:A:277:VAL:HG12	1:A:356:LEU:HD22	0.53	1.79	3	1
1:A:323:HIS:CG	1:A:324:GLU:N	0.53	2.77	3	2
1:A:296:ILE:HD13	1:A:322:VAL:CG1	0.53	2.33	4	1
1:A:350:ARG:HA	1:A:353:LEU:HD11	0.53	1.80	9	2
1:A:453:LEU:HD11	1:A:473:TYR:CE1	0.53	2.38	4	1
1:A:347:PHE:N	1:A:347:PHE:CD1	0.53	2.71	9	1
1:A:222:TYR:C	1:A:224:LYS:H	0.53	2.12	7	7
1:A:230:LYS:O	1:A:234:ARG:HB2	0.53	2.04	1	4
1:A:317:LEU:HA	1:A:394:SER:OG	0.53	2.03	1	1
1:A:211:LEU:HD21	1:A:416:ALA:N	0.53	2.19	2	1
1:A:356:LEU:CD1	1:A:360:PHE:O	0.53	2.57	3	2
1:A:318:LEU:O	1:A:322:VAL:HG23	0.53	2.04	4	1
1:A:219:TYR:HD1	1:A:385:ALA:HB3	0.53	1.63	6	1
1:A:327:TYR:CE2	1:A:446:VAL:HG13	0.53	2.38	7	1
1:A:219:TYR:CZ	1:A:223:ILE:HD13	0.53	2.38	8	1
1:A:327:TYR:CE2	1:A:446:VAL:HA	0.53	2.38	8	1
1:A:452:LEU:O	1:A:456:ILE:CG1	0.53	2.57	8	1
1:A:350:ARG:CD	1:A:354:LYS:CD	0.53	2.87	9	1
1:A:287:PHE:HA	1:A:290:VAL:HG22	0.53	1.79	2	2
1:A:297:THR:O	1:A:299:TYR:N	0.53	2.41	5	3
1:A:341:ILE:HG23	1:A:348:MET:N	0.53	2.19	2	3
1:A:354:LYS:O	1:A:361:GLY:O	0.53	2.26	2	3
1:A:363:PHE:CB	1:A:452:LEU:CD1	0.53	2.86	2	1
1:A:454:GLN:O	1:A:458:LYS:HG2	0.53	2.03	7	4
1:A:355:SER:O	1:A:356:LEU:CD2	0.53	2.52	5	3
1:A:229:THR:CA	1:A:333:LEU:HD11	0.53	2.34	5	1
1:A:377:LEU:HD11	1:A:438:LYS:HE2	0.53	1.80	5	1
1:A:419:LEU:CD2	1:A:423:LEU:CD1	0.53	2.87	5	1
1:A:453:LEU:CD2	1:A:473:TYR:CZ	0.53	2.92	5	1
1:A:350:ARG:CD	1:A:365:GLU:CD	0.53	2.82	7	2
1:A:363:PHE:CB	1:A:452:LEU:HD13	0.53	2.33	9	1
1:A:386:ILE:HD13	1:A:416:ALA:CB	0.53	2.34	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:317:LEU:O	1:A:321:GLY:CA	0.53	2.57	2	4
1:A:457:LYS:HE3	1:A:473:TYR:CE1	0.53	2.39	2	1
1:A:223:ILE:O	1:A:223:ILE:CD1	0.53	2.43	3	1
1:A:404:LYS:O	1:A:408:ASP:CB	0.53	2.57	9	6
1:A:327:TYR:HD2	1:A:446:VAL:HG22	0.53	1.63	4	1
1:A:367:LYS:HG2	1:A:449:HIS:CE1	0.53	2.38	6	1
1:A:390:VAL:O	1:A:390:VAL:CG1	0.53	2.57	7	1
1:A:211:LEU:HD21	1:A:416:ALA:CA	0.53	2.33	2	1
1:A:220:ASP:O	1:A:224:LYS:CD	0.53	2.57	9	6
1:A:299:TYR:O	1:A:302:SER:N	0.53	2.42	8	4
1:A:324:GLU:O	1:A:327:TYR:HE1	0.53	1.86	2	1
1:A:395:GLY:HA2	1:A:400:LEU:HD13	0.53	1.80	5	3
1:A:300:ALA:O	1:A:301:LYS:C	0.53	2.51	5	2
1:A:317:LEU:HB3	1:A:400:LEU:CD2	0.53	2.34	3	1
1:A:356:LEU:HD12	1:A:360:PHE:O	0.53	2.04	3	3
1:A:211:LEU:HD13	1:A:419:LEU:CD1	0.53	2.32	7	1
1:A:312:ASN:HB3	1:A:401:LEU:HD11	0.53	1.80	9	1
1:A:379:LEU:HB2	1:A:384:LEU:HD21	0.53	1.81	9	1
1:A:296:ILE:O	1:A:297:THR:C	0.53	2.51	5	8
1:A:322:VAL:O	1:A:326:ILE:HG13	0.53	2.04	6	8
1:A:415:GLN:O	1:A:419:LEU:HB3	0.53	2.04	9	6
1:A:419:LEU:C	1:A:421:LEU:N	0.53	2.67	2	8
1:A:427:GLU:O	1:A:428:SER:CB	0.53	2.57	6	3
1:A:281:ILE:HD11	1:A:352:PHE:CD2	0.53	2.38	3	1
1:A:217:HIS:O	1:A:218:LEU:C	0.52	2.52	2	9
1:A:335:ASN:HB3	1:A:338:GLY:O	0.52	2.04	2	4
1:A:354:LYS:CG	1:A:361:GLY:O	0.52	2.57	1	1
1:A:417:LEU:O	1:A:421:LEU:CB	0.52	2.56	1	5
1:A:289:SER:HA	1:A:326:ILE:HD13	0.52	1.81	2	1
1:A:386:ILE:HG22	1:A:387:PHE:N	0.52	2.19	2	1
1:A:388:ILE:HA	1:A:391:ILE:HD12	0.52	1.80	2	1
1:A:432:PHE:C	1:A:434:LYS:N	0.52	2.66	7	7
1:A:303:ILE:CG2	1:A:413:LEU:CD2	0.52	2.86	7	4
1:A:379:LEU:HD13	1:A:421:LEU:HD22	0.52	1.77	3	1
1:A:296:ILE:HG21	1:A:318:LEU:CD2	0.52	2.25	6	1
1:A:350:ARG:HD2	1:A:365:GLU:CD	0.52	2.28	6	1
1:A:444:GLN:C	1:A:444:GLN:CD	0.52	2.76	6	1
1:A:457:LYS:O	1:A:465:LEU:CD1	0.52	2.57	6	1
1:A:219:TYR:CD2	1:A:223:ILE:CG1	0.52	2.93	9	1
1:A:347:PHE:CD1	1:A:347:PHE:O	0.52	2.62	8	3
1:A:276:GLU:OE1	1:A:357:ARG:NH2	0.52	2.42	5	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:354:LYS:O	1:A:354:LYS:HG2	0.52	2.04	6	1
1:A:306:PHE:CZ	1:A:317:LEU:HD11	0.52	2.39	7	1
1:A:410:GLN:C	1:A:412:ASN:N	0.52	2.66	5	9
1:A:414:LEU:CD2	1:A:432:PHE:CE2	0.52	2.93	1	1
1:A:450:VAL:O	1:A:452:LEU:N	0.52	2.42	6	3
1:A:453:LEU:HA	1:A:456:ILE:CG1	0.52	2.34	1	2
1:A:404:LYS:N	1:A:405:PRO:HD2	0.52	2.18	6	7
1:A:276:GLU:O	1:A:277:VAL:C	0.52	2.52	7	4
1:A:360:PHE:CZ	1:A:453:LEU:HB2	0.52	2.39	3	1
1:A:434:LYS:CD	1:A:435:LEU:N	0.52	2.73	3	1
1:A:276:GLU:OE2	1:A:357:ARG:CD	0.52	2.57	6	2
1:A:341:ILE:HD12	1:A:347:PHE:CA	0.52	2.34	4	1
1:A:367:LYS:HE3	1:A:449:HIS:CE1	0.52	2.39	6	1
1:A:247:PHE:O	1:A:347:PHE:CE1	0.52	2.61	9	1
1:A:303:ILE:HD13	1:A:393:LEU:HD21	0.52	1.80	1	1
1:A:331:ALA:O	1:A:334:MET:CB	0.52	2.58	5	5
1:A:353:LEU:O	1:A:356:LEU:HG	0.52	2.03	1	4
1:A:276:GLU:OE1	1:A:357:ARG:CD	0.52	2.57	3	2
1:A:393:LEU:N	1:A:393:LEU:CD2	0.52	2.70	4	1
1:A:225:SER:HB2	1:A:299:TYR:HD2	0.52	1.63	5	1
1:A:219:TYR:CE2	1:A:223:ILE:HD11	0.52	2.39	6	1
1:A:354:LYS:HG3	1:A:362:ASP:HA	0.52	1.82	7	1
1:A:249:ILE:HD11	1:A:352:PHE:CE1	0.52	2.38	9	1
1:A:276:GLU:CG	1:A:278:ALA:HB3	0.52	2.35	9	1
1:A:336:LYS:HA	1:A:368:PHE:CE1	0.52	2.40	1	1
1:A:356:LEU:HB2	1:A:361:GLY:HA3	0.52	1.80	2	1
1:A:363:PHE:CD1	1:A:452:LEU:HD11	0.52	2.39	2	1
1:A:393:LEU:C	1:A:406:ILE:HG23	0.52	2.29	3	2
1:A:394:SER:OG	1:A:410:GLN:OE1	0.52	2.27	3	1
1:A:219:TYR:CE2	1:A:223:ILE:CD1	0.52	2.92	6	1
1:A:317:LEU:CB	1:A:394:SER:OG	0.52	2.58	9	2
1:A:335:ASN:OD1	1:A:338:GLY:N	0.52	2.43	5	6
1:A:339:VAL:O	1:A:341:ILE:CG2	0.52	2.45	9	4
1:A:386:ILE:O	1:A:387:PHE:C	0.52	2.52	7	7
1:A:326:ILE:O	1:A:330:LEU:HD12	0.52	2.04	4	3
1:A:425:HIS:O	1:A:425:HIS:ND1	0.52	2.43	6	5
1:A:430:GLN:C	1:A:432:PHE:N	0.52	2.67	5	7
1:A:220:ASP:O	1:A:223:ILE:CG2	0.52	2.54	3	1
1:A:354:LYS:CB	1:A:362:ASP:HB3	0.52	2.35	3	1
1:A:219:TYR:CD1	1:A:382:SER:HA	0.52	2.40	5	2
1:A:296:ILE:HG23	1:A:300:ALA:HB2	0.52	1.82	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:435:LEU:O	1:A:438:LYS:CG	0.52	2.57	8	2
1:A:279:ILE:CG1	1:A:464:SER:O	0.52	2.58	8	1
1:A:317:LEU:HB3	1:A:394:SER:OG	0.52	2.04	1	1
1:A:329:MET:HE3	1:A:333:LEU:HD21	0.52	1.81	1	1
1:A:363:PHE:CZ	1:A:452:LEU:HB3	0.52	2.39	1	1
1:A:387:PHE:O	1:A:390:VAL:N	0.52	2.43	7	4
1:A:387:PHE:O	1:A:391:ILE:N	0.52	2.42	2	1
1:A:466:HIS:CE1	1:A:469:LEU:HB2	0.52	2.40	2	1
1:A:420:GLN:HE21	1:A:424:ASN:ND2	0.52	2.01	3	2
1:A:333:LEU:O	1:A:340:LEU:HD22	0.52	2.05	4	1
1:A:276:GLU:OE1	1:A:279:ILE:CD1	0.52	2.57	9	1
1:A:400:LEU:CD1	1:A:406:ILE:HD13	0.52	2.34	1	1
1:A:451:GLN:O	1:A:455:VAL:CG2	0.52	2.58	9	7
1:A:359:PRO:CG	1:A:456:ILE:CD1	0.52	2.88	2	1
1:A:354:LYS:HA	1:A:362:ASP:CB	0.52	2.34	3	1
1:A:219:TYR:CE2	1:A:382:SER:HB3	0.52	2.40	4	1
1:A:222:TYR:CE2	1:A:389:ALA:HB2	0.52	2.40	5	1
1:A:386:ILE:CG2	1:A:413:LEU:O	0.52	2.58	5	2
1:A:350:ARG:HD2	1:A:354:LYS:CD	0.52	2.35	9	1
1:A:226:PHE:CZ	1:A:228:LEU:HB3	0.52	2.40	2	1
1:A:312:ASN:O	1:A:315:VAL:N	0.52	2.43	9	3
1:A:321:GLY:C	1:A:325:ILE:HD12	0.52	2.29	3	2
1:A:350:ARG:HA	1:A:353:LEU:HD12	0.52	1.82	5	2
1:A:334:MET:HG3	1:A:368:PHE:HA	0.52	1.82	5	2
1:A:249:ILE:HG22	1:A:348:MET:HE3	0.52	1.82	6	1
1:A:393:LEU:CA	1:A:406:ILE:HG22	0.52	2.35	9	1
1:A:210:ASP:O	1:A:214:LEU:HB3	0.52	2.05	6	3
1:A:390:VAL:O	1:A:410:GLN:CD	0.52	2.53	8	4
1:A:393:LEU:HB3	1:A:410:GLN:HB3	0.52	1.82	2	1
1:A:325:ILE:CD1	1:A:392:ILE:CD1	0.52	2.88	3	2
1:A:354:LYS:HA	1:A:362:ASP:HB3	0.52	1.81	3	1
1:A:421:LEU:CD2	1:A:431:LEU:HD21	0.52	2.34	3	1
1:A:356:LEU:CG	1:A:361:GLY:HA2	0.52	2.35	6	1
1:A:353:LEU:HD12	1:A:354:LYS:HD3	0.52	1.81	8	1
1:A:211:LEU:HD21	1:A:420:GLN:HA	0.52	1.82	9	1
1:A:228:LEU:HD13	1:A:232:LYS:HB2	0.52	1.80	9	1
1:A:325:ILE:CG2	1:A:388:ILE:CG1	0.51	2.86	1	1
1:A:468:LEU:O	1:A:472:ILE:CG1	0.51	2.58	7	7
1:A:221:SER:HB3	1:A:302:SER:CB	0.51	2.35	2	2
1:A:230:LYS:HB3	1:A:384:LEU:HD12	0.51	1.82	9	2
1:A:247:PHE:HB3	1:A:346:GLY:HA3	0.51	1.81	2	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:282:PHE:CD1	1:A:360:PHE:CD1	0.51	2.98	2	1
1:A:326:ILE:C	1:A:330:LEU:HD12	0.51	2.30	6	5
1:A:380:ASP:CG	1:A:382:SER:OG	0.51	2.52	2	3
1:A:233:ALA:CB	1:A:333:LEU:HD13	0.51	2.32	3	2
1:A:228:LEU:HD11	1:A:340:LEU:HG	0.51	1.82	6	2
1:A:374:PHE:CE2	1:A:438:LYS:HD3	0.51	2.40	5	1
1:A:325:ILE:HG13	1:A:388:ILE:CD1	0.51	2.34	6	1
1:A:428:SER:CB	1:A:431:LEU:HD23	0.51	2.35	6	1
1:A:379:LEU:HB3	1:A:383:ASP:OD2	0.51	2.04	5	5
1:A:323:HIS:O	1:A:327:TYR:CG	0.51	2.64	2	2
1:A:226:PHE:CZ	1:A:329:MET:HE1	0.51	2.40	3	1
1:A:402:ASN:O	1:A:405:PRO:CG	0.51	2.58	6	2
1:A:350:ARG:CD	1:A:365:GLU:OE2	0.51	2.58	5	2
1:A:226:PHE:CD2	1:A:295:GLU:HB2	0.51	2.40	8	1
1:A:394:SER:CB	1:A:406:ILE:HG21	0.51	2.35	9	1
1:A:231:ALA:HB3	1:A:381:ASP:OD2	0.51	2.05	4	6
1:A:329:MET:O	1:A:330:LEU:C	0.51	2.54	1	3
1:A:453:LEU:O	1:A:457:LYS:CG	0.51	2.58	4	3
1:A:363:PHE:CE1	1:A:452:LEU:HB2	0.51	2.41	1	2
1:A:442:LEU:C	1:A:444:GLN:N	0.51	2.68	2	3
1:A:357:ARG:O	1:A:359:PRO:O	0.51	2.28	2	1
1:A:323:HIS:O	1:A:327:TYR:HB2	0.51	2.06	7	3
1:A:395:GLY:O	1:A:396:ASP:C	0.51	2.54	3	1
1:A:331:ALA:C	1:A:334:MET:HG2	0.51	2.31	1	4
1:A:339:VAL:CG1	1:A:364:MET:CG	0.51	2.87	1	1
1:A:358:LYS:HG2	1:A:359:PRO:CD	0.51	2.36	4	9
1:A:433:ALA:O	1:A:437:GLN:CG	0.51	2.59	6	6
1:A:299:TYR:O	1:A:300:ALA:C	0.51	2.51	2	2
1:A:233:ALA:O	1:A:237:LEU:HB2	0.51	2.06	8	4
1:A:410:GLN:O	1:A:411:ASP:C	0.51	2.53	3	3
1:A:410:GLN:O	1:A:412:ASN:N	0.51	2.43	3	3
1:A:365:GLU:OE1	1:A:365:GLU:CA	0.51	2.59	9	2
1:A:386:ILE:O	1:A:388:ILE:N	0.51	2.42	4	1
1:A:394:SER:OG	1:A:397:ARG:NH2	0.51	2.43	4	1
1:A:392:ILE:CG2	1:A:393:LEU:HD22	0.51	2.36	5	1
1:A:394:SER:HB3	1:A:400:LEU:CD1	0.51	2.34	9	1
1:A:334:MET:HE3	1:A:367:LYS:CB	0.51	2.36	1	2
1:A:364:MET:HE2	1:A:365:GLU:HA	0.51	1.81	1	1
1:A:215:ALA:O	1:A:216:LYS:C	0.51	2.53	2	3
1:A:323:HIS:CE1	1:A:324:GLU:HG3	0.51	2.41	3	1
1:A:317:LEU:HD12	1:A:318:LEU:HD12	0.51	1.83	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:331:ALA:O	1:A:334:MET:CG	0.51	2.58	5	1
1:A:290:VAL:O	1:A:293:VAL:HG13	0.51	2.05	6	1
1:A:429:SER:C	1:A:430:GLN:CG	0.51	2.83	7	1
1:A:276:GLU:C	1:A:278:ALA:N	0.51	2.68	9	3
1:A:386:ILE:O	1:A:389:ALA:N	0.51	2.43	1	4
1:A:450:VAL:C	1:A:452:LEU:N	0.51	2.67	6	8
1:A:221:SER:OG	1:A:299:TYR:HA	0.51	2.06	3	2
1:A:235:ALA:O	1:A:239:GLY:HA3	0.51	2.06	7	4
1:A:363:PHE:CG	1:A:452:LEU:HD13	0.51	2.39	8	1
1:A:369:GLU:O	1:A:373:LYS:CG	0.51	2.59	8	1
1:A:233:ALA:CB	1:A:333:LEU:CD1	0.51	2.82	1	1
1:A:331:ALA:CA	1:A:334:MET:HG2	0.51	2.36	4	4
1:A:390:VAL:O	1:A:410:GLN:OE1	0.51	2.28	5	3
1:A:339:VAL:O	1:A:340:LEU:C	0.51	2.54	8	3
1:A:424:ASN:OD1	1:A:425:HIS:CG	0.51	2.64	2	2
1:A:388:ILE:O	1:A:392:ILE:N	0.51	2.44	9	1
1:A:389:ALA:O	1:A:410:GLN:CG	0.51	2.59	3	1
1:A:277:VAL:O	1:A:281:ILE:HB	0.51	2.05	6	1
1:A:379:LEU:CG	1:A:425:HIS:CE1	0.51	2.94	7	1
1:A:397:ARG:NH2	1:A:443:ARG:NH2	0.51	2.59	7	1
1:A:219:TYR:CE2	1:A:223:ILE:CG1	0.51	2.94	9	1
1:A:249:ILE:CA	1:A:349:THR:HG23	0.51	2.35	9	1
1:A:424:ASN:HB3	1:A:425:HIS:CE1	0.51	2.41	8	2
1:A:363:PHE:O	1:A:363:PHE:CG	0.51	2.63	3	1
1:A:414:LEU:HD22	1:A:432:PHE:CE2	0.51	2.41	3	1
1:A:410:GLN:OE1	1:A:414:LEU:CD1	0.51	2.58	6	2
1:A:222:TYR:HB2	1:A:299:TYR:CE2	0.50	2.40	4	4
1:A:278:ALA:HB1	1:A:360:PHE:CG	0.50	2.40	1	2
1:A:297:THR:C	1:A:299:TYR:N	0.50	2.67	5	9
1:A:211:LEU:HG	1:A:419:LEU:HD22	0.50	1.81	2	1
1:A:310:ASP:OD1	1:A:401:LEU:HD12	0.50	2.06	2	4
1:A:354:LYS:HA	1:A:362:ASP:CA	0.50	2.36	3	1
1:A:322:VAL:HG12	1:A:326:ILE:CD1	0.50	2.36	4	1
1:A:386:ILE:C	1:A:388:ILE:N	0.50	2.67	4	1
1:A:230:LYS:HD3	1:A:384:LEU:HD11	0.50	1.83	6	1
1:A:387:PHE:HA	1:A:390:VAL:CG1	0.50	2.36	6	1
1:A:323:HIS:HB3	1:A:327:TYR:CD2	0.50	2.41	7	1
1:A:338:GLY:O	1:A:339:VAL:CG1	0.50	2.59	8	1
1:A:222:TYR:CD1	1:A:299:TYR:CE2	0.50	2.98	3	3
1:A:233:ALA:HB1	1:A:333:LEU:HA	0.50	1.82	1	1
1:A:440:THR:OG1	1:A:441:ASP:N	0.50	2.43	7	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:210:ASP:O	1:A:211:LEU:C	0.50	2.54	8	3
1:A:430:GLN:O	1:A:432:PHE:N	0.50	2.44	9	6
1:A:276:GLU:O	1:A:279:ILE:HG22	0.50	2.07	5	2
1:A:226:PHE:CD1	1:A:226:PHE:N	0.50	2.79	8	2
1:A:249:ILE:HG22	1:A:349:THR:CG2	0.50	2.36	9	1
1:A:247:PHE:O	1:A:346:GLY:HA3	0.50	2.06	1	4
1:A:321:GLY:O	1:A:322:VAL:C	0.50	2.53	3	6
1:A:418:GLU:HG3	1:A:432:PHE:CD1	0.50	2.40	1	1
1:A:429:SER:C	1:A:431:LEU:N	0.50	2.67	3	2
1:A:430:GLN:N	1:A:430:GLN:CD	0.50	2.69	9	3
1:A:297:THR:O	1:A:298:GLU:C	0.50	2.55	5	4
1:A:357:ARG:NH1	1:A:360:PHE:CD2	0.50	2.79	7	1
1:A:281:ILE:HD11	1:A:352:PHE:CE1	0.50	2.39	1	1
1:A:318:LEU:O	1:A:319:LYS:C	0.50	2.53	4	6
1:A:211:LEU:CD1	1:A:416:ALA:CB	0.50	2.88	2	1
1:A:326:ILE:O	1:A:330:LEU:HG	0.50	2.06	9	7
1:A:359:PRO:HG3	1:A:456:ILE:HD11	0.50	1.83	2	1
1:A:397:ARG:CB	1:A:400:LEU:HG	0.50	2.37	7	3
1:A:421:LEU:CD1	1:A:435:LEU:HD12	0.50	2.36	2	1
1:A:316:THR:CG2	1:A:399:GLY:C	0.50	2.80	4	3
1:A:402:ASN:O	1:A:406:ILE:HD11	0.50	1.95	4	2
1:A:296:ILE:HG22	1:A:297:THR:N	0.50	2.21	5	1
1:A:387:PHE:CD1	1:A:388:ILE:CA	0.50	2.95	7	1
1:A:393:LEU:HD13	1:A:409:ILE:CB	0.50	2.34	8	1
1:A:394:SER:O	1:A:395:GLY:C	0.50	2.54	9	1
1:A:314:GLN:O	1:A:317:LEU:HG	0.50	2.07	3	7
1:A:329:MET:C	1:A:333:LEU:CD2	0.50	2.85	1	1
1:A:237:LEU:HD21	1:A:335:ASN:CA	0.50	2.36	3	1
1:A:276:GLU:O	1:A:280:ARG:CD	0.50	2.60	4	1
1:A:338:GLY:HA3	1:A:347:PHE:CE1	0.50	2.41	6	2
1:A:380:ASP:OD2	1:A:424:ASN:ND2	0.50	2.44	5	1
1:A:355:SER:C	1:A:356:LEU:O	0.50	2.55	6	1
1:A:219:TYR:CD2	1:A:223:ILE:HG12	0.50	2.41	9	1
1:A:337:ASP:OD1	1:A:350:ARG:NH1	0.50	2.45	1	2
1:A:221:SER:CB	1:A:302:SER:OG	0.50	2.60	8	2
1:A:325:ILE:CG1	1:A:388:ILE:HD11	0.50	2.37	6	1
1:A:358:LYS:O	1:A:362:ASP:CG	0.50	2.54	6	1
1:A:432:PHE:CD1	1:A:436:LEU:HD11	0.50	2.42	9	1
1:A:340:LEU:O	1:A:341:ILE:CG2	0.50	2.59	8	3
1:A:393:LEU:HD12	1:A:406:ILE:O	0.50	2.06	2	1
1:A:399:GLY:C	1:A:400:LEU:HG	0.50	2.31	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:456:ILE:HG23	1:A:457:LYS:N	0.50	2.22	3	2
1:A:232:LYS:O	1:A:236:ILE:HD13	0.50	2.06	9	2
1:A:363:PHE:O	1:A:367:LYS:NZ	0.50	2.45	5	3
1:A:374:PHE:CZ	1:A:441:ASP:HB3	0.50	2.41	7	1
1:A:442:LEU:O	1:A:446:VAL:HB	0.50	2.07	7	1
1:A:237:LEU:HA	1:A:246:PRO:HD3	0.50	1.83	9	1
1:A:374:PHE:CZ	1:A:438:LYS:HG2	0.50	2.41	9	1
1:A:412:ASN:O	1:A:413:LEU:C	0.50	2.55	5	2
1:A:383:ASP:OD1	1:A:424:ASN:ND2	0.50	2.44	3	3
1:A:218:LEU:HD11	1:A:413:LEU:CD2	0.50	2.37	3	1
1:A:219:TYR:O	1:A:223:ILE:HG22	0.50	2.07	3	1
1:A:276:GLU:OE2	1:A:357:ARG:NE	0.50	2.45	6	3
1:A:335:ASN:O	1:A:336:LYS:HB3	0.50	2.06	4	2
1:A:371:ALA:O	1:A:374:PHE:N	0.50	2.44	6	2
1:A:453:LEU:HD22	1:A:457:LYS:CG	0.50	2.37	4	1
1:A:282:PHE:CE1	1:A:363:PHE:CE2	0.50	2.99	5	1
1:A:419:LEU:CD2	1:A:423:LEU:HD11	0.50	2.36	5	1
1:A:419:LEU:CG	1:A:423:LEU:HD11	0.50	2.34	5	1
1:A:438:LYS:N	1:A:438:LYS:NZ	0.50	2.59	7	1
1:A:309:LEU:CD2	1:A:405:PRO:HB2	0.50	2.37	8	7
1:A:359:PRO:HB2	1:A:456:ILE:CD1	0.50	2.37	2	2
1:A:439:MET:HA	1:A:442:LEU:HB2	0.50	1.83	2	2
1:A:393:LEU:HD23	1:A:393:LEU:H	0.50	1.67	4	1
1:A:296:ILE:HG21	1:A:392:ILE:HD11	0.50	1.83	9	1
1:A:466:HIS:CE1	1:A:469:LEU:CG	0.49	2.94	1	2
1:A:417:LEU:O	1:A:421:LEU:HB3	0.49	2.07	6	6
1:A:420:GLN:O	1:A:424:ASN:CB	0.49	2.59	4	2
1:A:211:LEU:CD1	1:A:416:ALA:HA	0.49	2.37	5	2
1:A:363:PHE:CE1	1:A:364:MET:HG2	0.49	2.42	3	1
1:A:327:TYR:CD1	1:A:327:TYR:N	0.49	2.78	4	1
1:A:224:LYS:HB2	1:A:299:TYR:CZ	0.49	2.41	5	1
1:A:296:ILE:HG22	1:A:300:ALA:HB2	0.49	1.83	5	1
1:A:317:LEU:HB2	1:A:394:SER:OG	0.49	2.07	9	1
1:A:316:THR:HG22	1:A:400:LEU:HD23	0.49	1.85	1	3
1:A:393:LEU:HB2	1:A:410:GLN:CG	0.49	2.37	7	4
1:A:277:VAL:O	1:A:280:ARG:CG	0.49	2.60	2	1
1:A:417:LEU:CD1	1:A:432:PHE:CD1	0.49	2.95	5	3
1:A:248:VAL:HB	1:A:347:PHE:CE2	0.49	2.43	3	3
1:A:301:LYS:HA	1:A:307:VAL:HG22	0.49	1.83	4	2
1:A:233:ALA:O	1:A:237:LEU:HD12	0.49	2.06	4	1
1:A:432:PHE:O	1:A:434:LYS:N	0.49	2.45	7	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:402:ASN:CB	1:A:405:PRO:HG3	0.49	2.37	6	1
1:A:421:LEU:O	1:A:425:HIS:ND1	0.49	2.45	7	1
1:A:330:LEU:C	1:A:334:MET:SD	0.49	2.95	9	1
1:A:247:PHE:CZ	1:A:249:ILE:HG12	0.49	2.42	1	1
1:A:287:PHE:CE1	1:A:291:GLU:HG3	0.49	2.42	1	2
1:A:364:MET:HE3	1:A:368:PHE:HB3	0.49	1.84	1	1
1:A:386:ILE:O	1:A:389:ALA:HB3	0.49	2.07	1	1
1:A:437:GLN:C	1:A:439:MET:HG3	0.49	2.32	8	9
1:A:222:TYR:CZ	1:A:388:ILE:HG21	0.49	2.43	2	1
1:A:237:LEU:O	1:A:238:THR:HB	0.49	2.08	9	3
1:A:296:ILE:CD1	1:A:322:VAL:HG13	0.49	2.37	4	1
1:A:421:LEU:O	1:A:424:ASN:OD1	0.49	2.30	6	1
1:A:464:SER:OG	1:A:464:SER:O	0.49	2.31	6	1
1:A:306:PHE:CZ	1:A:317:LEU:CD1	0.49	2.95	7	1
1:A:337:ASP:OD1	1:A:350:ARG:CZ	0.49	2.61	9	1
1:A:353:LEU:CD2	1:A:364:MET:SD	0.49	2.97	1	1
1:A:402:ASN:CB	1:A:405:PRO:CD	0.49	2.91	6	3
1:A:230:LYS:NZ	1:A:384:LEU:CD1	0.49	2.75	3	1
1:A:418:GLU:O	1:A:422:LYS:N	0.49	2.43	3	1
1:A:393:LEU:CD1	1:A:413:LEU:HD11	0.49	2.37	4	1
1:A:225:SER:CB	1:A:299:TYR:HB2	0.49	2.38	9	3
1:A:215:ALA:C	1:A:217:HIS:N	0.49	2.69	2	3
1:A:219:TYR:OH	1:A:386:ILE:CD1	0.49	2.60	2	1
1:A:339:VAL:O	1:A:340:LEU:O	0.49	2.29	2	3
1:A:460:GLU:O	1:A:462:ASP:N	0.49	2.46	2	3
1:A:237:LEU:HD21	1:A:335:ASN:CB	0.49	2.37	3	1
1:A:419:LEU:O	1:A:423:LEU:HG	0.49	2.08	9	2
1:A:219:TYR:CE1	1:A:223:ILE:HD11	0.49	2.41	7	1
1:A:323:HIS:CB	1:A:327:TYR:CE2	0.49	2.95	7	1
1:A:442:LEU:O	1:A:446:VAL:CB	0.49	2.60	7	1
1:A:218:LEU:HD11	1:A:389:ALA:CB	0.49	2.38	8	1
1:A:374:PHE:CE2	1:A:438:LYS:HD2	0.49	2.42	8	1
1:A:210:ASP:OD2	1:A:210:ASP:C	0.49	2.55	4	1
1:A:236:ILE:HB	1:A:246:PRO:HB3	0.49	1.84	4	2
1:A:318:LEU:CA	1:A:322:VAL:HG23	0.49	2.37	4	1
1:A:340:LEU:O	1:A:341:ILE:HG22	0.49	2.07	8	3
1:A:400:LEU:CD1	1:A:403:VAL:CG2	0.49	2.90	4	2
1:A:445:ILE:CG2	1:A:449:HIS:NE2	0.49	2.73	6	1
1:A:338:GLY:C	1:A:339:VAL:HG13	0.49	2.32	8	1
1:A:246:PRO:HG3	1:A:340:LEU:CD1	0.49	2.37	9	1
1:A:396:ASP:CG	1:A:397:ARG:NH1	0.49	2.70	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:355:SER:C	1:A:356:LEU:HG	0.49	2.32	7	5
1:A:247:PHE:CB	1:A:346:GLY:HA3	0.49	2.38	5	4
1:A:450:VAL:CG1	1:A:473:TYR:OH	0.49	2.61	9	1
1:A:219:TYR:O	1:A:223:ILE:HB	0.49	2.08	2	2
1:A:340:LEU:C	1:A:341:ILE:HG23	0.49	2.32	8	3
1:A:350:ARG:O	1:A:354:LYS:HB3	0.49	2.08	2	1
1:A:362:ASP:O	1:A:362:ASP:OD2	0.49	2.30	3	1
1:A:393:LEU:CD1	1:A:409:ILE:CB	0.49	2.90	4	2
1:A:367:LYS:HE3	1:A:449:HIS:CD2	0.49	2.43	6	1
1:A:211:LEU:HD22	1:A:419:LEU:HD13	0.49	1.85	7	1
1:A:234:ARG:CZ	1:A:332:SER:C	0.49	2.86	7	2
1:A:323:HIS:CG	1:A:327:TYR:CE2	0.49	3.00	7	1
1:A:338:GLY:N	1:A:368:PHE:CZ	0.49	2.81	8	1
1:A:393:LEU:CD2	1:A:409:ILE:HG22	0.49	2.37	2	2
1:A:469:LEU:O	1:A:472:ILE:HG13	0.49	2.07	2	2
1:A:285:CYS:O	1:A:364:MET:CE	0.49	2.61	5	1
1:A:211:LEU:HD21	1:A:423:LEU:HD11	0.49	1.83	6	1
1:A:216:LYS:CD	1:A:216:LYS:C	0.49	2.86	9	1
1:A:313:ASP:O	1:A:317:LEU:HB3	0.49	2.08	9	1
1:A:323:HIS:C	1:A:325:ILE:H	0.49	2.15	1	4
1:A:338:GLY:HA2	1:A:348:MET:O	0.49	2.08	9	2
1:A:456:ILE:C	1:A:458:LYS:N	0.49	2.70	2	8
1:A:444:GLN:O	1:A:445:ILE:C	0.49	2.55	2	1
1:A:219:TYR:CD2	1:A:385:ALA:HB2	0.49	2.43	3	1
1:A:317:LEU:HA	1:A:400:LEU:CD2	0.49	2.38	3	2
1:A:406:ILE:C	1:A:408:ASP:N	0.49	2.71	3	4
1:A:410:GLN:O	1:A:413:LEU:N	0.49	2.46	3	1
1:A:331:ALA:HA	1:A:334:MET:CG	0.48	2.38	1	5
1:A:293:VAL:HA	1:A:318:LEU:HD22	0.48	1.85	2	1
1:A:309:LEU:HB3	1:A:314:GLN:NE2	0.48	2.23	2	1
1:A:276:GLU:CD	1:A:278:ALA:HB3	0.48	2.32	3	1
1:A:352:PHE:O	1:A:356:LEU:HD21	0.48	2.08	3	1
1:A:433:ALA:HA	1:A:436:LEU:HD21	0.48	1.85	7	2
1:A:460:GLU:CD	1:A:464:SER:CB	0.48	2.86	3	1
1:A:465:LEU:HD23	1:A:469:LEU:CD1	0.48	2.38	9	3
1:A:234:ARG:NH2	1:A:331:ALA:O	0.48	2.46	9	2
1:A:328:THR:HG22	1:A:329:MET:N	0.48	2.23	7	5
1:A:332:SER:OG	1:A:378:GLU:OE1	0.48	2.31	1	3
1:A:350:ARG:CG	1:A:354:LYS:HD3	0.48	2.38	1	2
1:A:357:ARG:C	1:A:359:PRO:HD2	0.48	2.33	1	4
1:A:211:LEU:HD11	1:A:416:ALA:HB1	0.48	1.84	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:221:SER:HB3	1:A:302:SER:HB3	0.48	1.84	3	3
1:A:363:PHE:CE1	1:A:364:MET:CG	0.48	2.96	3	1
1:A:235:ALA:HA	1:A:239:GLY:CA	0.48	2.38	5	1
1:A:219:TYR:CD2	1:A:223:ILE:HD13	0.48	2.43	6	1
1:A:356:LEU:CB	1:A:361:GLY:CA	0.48	2.91	6	1
1:A:364:MET:CA	1:A:366:PRO:HD2	0.48	2.37	8	1
1:A:221:SER:OG	1:A:302:SER:HB3	0.48	2.07	9	1
1:A:297:THR:HG23	1:A:301:LYS:CD	0.48	2.38	9	1
1:A:374:PHE:O	1:A:377:LEU:HD23	0.48	2.09	9	1
1:A:233:ALA:HB2	1:A:333:LEU:CD1	0.48	2.19	1	3
1:A:292:ALA:HB1	1:A:296:ILE:CD1	0.48	2.39	1	1
1:A:334:MET:HE3	1:A:367:LYS:HB2	0.48	1.85	1	2
1:A:358:LYS:N	1:A:359:PRO:HD2	0.48	2.23	1	2
1:A:394:SER:HA	1:A:397:ARG:CG	0.48	2.38	1	1
1:A:430:GLN:O	1:A:431:LEU:C	0.48	2.56	2	8
1:A:217:HIS:NE2	1:A:302:SER:O	0.48	2.47	2	3
1:A:230:LYS:HB3	1:A:384:LEU:CD1	0.48	2.38	2	2
1:A:313:ASP:OD1	1:A:400:LEU:HB3	0.48	2.08	3	3
1:A:359:PRO:O	1:A:361:GLY:CA	0.48	2.60	2	1
1:A:436:LEU:HD12	1:A:437:GLN:N	0.48	2.24	8	2
1:A:318:LEU:CD2	1:A:322:VAL:CG2	0.48	2.84	4	1
1:A:395:GLY:N	1:A:406:ILE:HG22	0.48	2.23	6	2
1:A:440:THR:O	1:A:442:LEU:N	0.48	2.47	6	4
1:A:370:PHE:CD2	1:A:445:ILE:CG1	0.48	2.95	1	1
1:A:404:LYS:HB2	1:A:405:PRO:HD3	0.48	1.85	3	5
1:A:338:GLY:CA	1:A:368:PHE:CE2	0.48	2.96	4	3
1:A:350:ARG:O	1:A:351:GLU:C	0.48	2.56	3	5
1:A:357:ARG:HB2	1:A:359:PRO:HD2	0.48	1.86	6	2
1:A:328:THR:HG23	1:A:329:MET:N	0.48	2.23	6	2
1:A:276:GLU:HG2	1:A:278:ALA:H	0.48	1.66	6	1
1:A:216:LYS:O	1:A:220:ASP:N	0.48	2.46	8	1
1:A:279:ILE:HD11	1:A:464:SER:O	0.48	2.08	8	1
1:A:287:PHE:CE2	1:A:291:GLU:OE1	0.48	2.67	8	2
1:A:211:LEU:HD13	1:A:211:LEU:C	0.48	2.33	7	3
1:A:419:LEU:C	1:A:421:LEU:H	0.48	2.15	2	5
1:A:382:SER:OG	1:A:420:GLN:NE2	0.48	2.47	2	1
1:A:247:PHE:CB	1:A:346:GLY:CA	0.48	2.92	5	2
1:A:393:LEU:HB3	1:A:410:GLN:CG	0.48	2.38	7	2
1:A:387:PHE:CE1	1:A:388:ILE:HG13	0.48	2.44	7	1
1:A:234:ARG:NH2	1:A:375:ASN:OD1	0.48	2.46	9	1
1:A:307:VAL:O	1:A:314:GLN:NE2	0.48	2.47	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:326:ILE:O	1:A:330:LEU:HD13	0.48	2.08	1	1
1:A:355:SER:O	1:A:356:LEU:CB	0.48	2.61	9	2
1:A:379:LEU:HG	1:A:425:HIS:CD2	0.48	2.43	1	1
1:A:446:VAL:C	1:A:448:GLU:N	0.48	2.71	4	9
1:A:327:TYR:HH	1:A:449:HIS:CG	0.48	2.24	5	1
1:A:221:SER:HB2	1:A:302:SER:OG	0.48	2.08	8	2
1:A:320:TYR:O	1:A:443:ARG:NH2	0.48	2.45	9	1
1:A:313:ASP:O	1:A:317:LEU:HG	0.48	2.09	3	4
1:A:348:MET:HE3	1:A:352:PHE:CE2	0.48	2.44	1	1
1:A:450:VAL:O	1:A:451:GLN:C	0.48	2.57	6	3
1:A:230:LYS:HB2	1:A:332:SER:CB	0.48	2.39	9	3
1:A:353:LEU:CD1	1:A:364:MET:HB3	0.48	2.38	2	1
1:A:434:LYS:O	1:A:435:LEU:C	0.48	2.56	6	5
1:A:228:LEU:HD22	1:A:333:LEU:CD1	0.48	2.39	3	1
1:A:354:LYS:C	1:A:354:LYS:HD3	0.48	2.34	3	1
1:A:424:ASN:O	1:A:425:HIS:HB3	0.48	2.08	6	3
1:A:221:SER:HB2	1:A:302:SER:HB3	0.48	1.86	7	2
1:A:355:SER:C	1:A:356:LEU:CG	0.48	2.86	4	3
1:A:395:GLY:CA	1:A:403:VAL:HG22	0.48	2.38	5	1
1:A:350:ARG:NH1	1:A:368:PHE:CB	0.48	2.77	6	1
1:A:379:LEU:HD22	1:A:425:HIS:CE1	0.48	2.43	6	1
1:A:327:TYR:CD2	1:A:446:VAL:HG13	0.48	2.43	7	1
1:A:237:LEU:CD1	1:A:340:LEU:CD1	0.48	2.91	9	1
1:A:323:HIS:C	1:A:325:ILE:N	0.48	2.70	1	2
1:A:333:LEU:HD22	1:A:333:LEU:H	0.48	1.69	1	1
1:A:354:LYS:HG2	1:A:361:GLY:O	0.48	2.09	1	1
1:A:394:SER:OG	1:A:397:ARG:HB2	0.48	2.08	1	1
1:A:215:ALA:O	1:A:217:HIS:N	0.48	2.46	2	2
1:A:393:LEU:O	1:A:406:ILE:O	0.48	2.31	3	2
1:A:359:PRO:CB	1:A:452:LEU:HD12	0.48	2.39	4	1
1:A:248:VAL:HG22	1:A:347:PHE:CD2	0.48	2.42	8	1
1:A:219:TYR:CE2	1:A:223:ILE:HG13	0.48	2.43	9	1
1:A:220:ASP:O	1:A:224:LYS:HD3	0.48	2.08	9	1
1:A:339:VAL:HG11	1:A:364:MET:HG3	0.48	1.85	1	1
1:A:363:PHE:CD2	1:A:449:HIS:HB2	0.48	2.44	3	1
1:A:282:PHE:CE1	1:A:465:LEU:HA	0.48	2.43	6	1
1:A:350:ARG:CG	1:A:354:LYS:HB3	0.48	2.39	6	1
1:A:360:PHE:CZ	1:A:456:ILE:CD1	0.48	2.96	6	1
1:A:384:LEU:HA	1:A:387:PHE:CD2	0.48	2.43	6	1
1:A:325:ILE:CD1	1:A:392:ILE:HG23	0.48	2.38	7	1
1:A:457:LYS:HE2	1:A:473:TYR:CE1	0.48	2.43	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:222:TYR:HA	1:A:299:TYR:CG	0.48	2.44	3	5
1:A:247:PHE:CZ	1:A:249:ILE:HD11	0.48	2.43	3	1
1:A:296:ILE:CG2	1:A:318:LEU:HD11	0.48	2.39	3	2
1:A:341:ILE:O	1:A:341:ILE:CG1	0.48	2.61	3	2
1:A:419:LEU:O	1:A:422:LYS:N	0.48	2.47	5	2
1:A:222:TYR:O	1:A:224:LYS:N	0.48	2.47	7	3
1:A:318:LEU:CD2	1:A:322:VAL:CG1	0.48	2.84	5	1
1:A:446:VAL:CG1	1:A:447:THR:N	0.48	2.77	6	1
1:A:216:LYS:HZ3	1:A:220:ASP:CG	0.47	2.16	1	1
1:A:296:ILE:CD1	1:A:325:ILE:HG21	0.47	2.39	2	1
1:A:460:GLU:C	1:A:462:ASP:N	0.47	2.69	2	3
1:A:464:SER:O	1:A:465:LEU:C	0.47	2.55	9	3
1:A:468:LEU:O	1:A:469:LEU:HB3	0.47	2.08	6	1
1:A:231:ALA:N	1:A:381:ASP:OD1	0.47	2.46	8	3
1:A:334:MET:CE	1:A:367:LYS:CG	0.47	2.92	9	1
1:A:236:ILE:C	1:A:238:THR:N	0.47	2.71	5	2
1:A:293:VAL:HG22	1:A:322:VAL:HG21	0.47	1.86	9	2
1:A:358:LYS:CB	1:A:359:PRO:CD	0.47	2.92	5	2
1:A:341:ILE:HG23	1:A:348:MET:H	0.47	1.69	6	2
1:A:318:LEU:O	1:A:321:GLY:N	0.47	2.46	4	2
1:A:350:ARG:CG	1:A:354:LYS:HD2	0.47	2.39	5	1
1:A:226:PHE:CG	1:A:295:GLU:OE2	0.47	2.66	7	1
1:A:327:TYR:HA	1:A:330:LEU:HD12	0.47	1.85	8	1
1:A:324:GLU:HB3	1:A:391:ILE:CG2	0.47	2.39	6	3
1:A:416:ALA:CA	1:A:419:LEU:HB3	0.47	2.39	6	5
1:A:296:ILE:CD1	1:A:322:VAL:HG23	0.47	2.39	6	3
1:A:370:PHE:O	1:A:374:PHE:N	0.47	2.47	2	3
1:A:364:MET:O	1:A:368:PHE:CD1	0.47	2.68	3	1
1:A:222:TYR:CE2	1:A:385:ALA:HB2	0.47	2.43	9	2
1:A:339:VAL:HG12	1:A:368:PHE:CB	0.47	2.39	5	1
1:A:363:PHE:O	1:A:367:LYS:CE	0.47	2.62	5	1
1:A:449:HIS:C	1:A:449:HIS:CD2	0.47	2.91	5	1
1:A:318:LEU:O	1:A:322:VAL:N	0.47	2.44	5	5
1:A:331:ALA:C	1:A:371:ALA:CB	0.47	2.87	1	1
1:A:438:LYS:C	1:A:440:THR:N	0.47	2.67	2	8
1:A:283:GLN:HG3	1:A:284:GLY:N	0.47	2.24	2	2
1:A:393:LEU:CG	1:A:409:ILE:HG22	0.47	2.40	9	2
1:A:393:LEU:HB2	1:A:413:LEU:CD1	0.47	2.39	3	2
1:A:422:LYS:CE	1:A:428:SER:O	0.47	2.62	3	1
1:A:456:ILE:O	1:A:459:THR:N	0.47	2.48	9	3
1:A:249:ILE:HG21	1:A:341:ILE:HD11	0.47	1.84	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:237:LEU:O	1:A:238:THR:HG22	0.47	2.08	5	1
1:A:306:PHE:CZ	1:A:392:ILE:HD12	0.47	2.44	7	1
1:A:324:GLU:OE1	1:A:443:ARG:NH2	0.47	2.48	9	1
1:A:396:ASP:OD2	1:A:397:ARG:NH1	0.47	2.47	9	1
1:A:231:ALA:CB	1:A:381:ASP:OD2	0.47	2.63	3	3
1:A:295:GLU:O	1:A:296:ILE:C	0.47	2.56	1	4
1:A:306:PHE:C	1:A:309:LEU:HG	0.47	2.34	6	5
1:A:377:LEU:HD13	1:A:435:LEU:HD12	0.47	1.87	1	1
1:A:463:MET:O	1:A:464:SER:CB	0.47	2.62	1	2
1:A:434:LYS:O	1:A:437:GLN:N	0.47	2.47	2	5
1:A:393:LEU:HD11	1:A:409:ILE:CG2	0.47	2.29	4	1
1:A:387:PHE:HA	1:A:390:VAL:HG13	0.47	1.86	6	1
1:A:317:LEU:CB	1:A:400:LEU:HD22	0.47	2.39	9	1
1:A:350:ARG:CD	1:A:354:LYS:HD2	0.47	2.38	9	1
1:A:374:PHE:CE1	1:A:438:LYS:CG	0.47	2.97	9	1
1:A:293:VAL:N	1:A:322:VAL:HG21	0.47	2.24	2	1
1:A:309:LEU:CB	1:A:314:GLN:CD	0.47	2.86	2	1
1:A:318:LEU:C	1:A:320:TYR:N	0.47	2.71	2	2
1:A:422:LYS:O	1:A:426:PRO:CB	0.47	2.62	2	1
1:A:210:ASP:O	1:A:213:ALA:N	0.47	2.48	3	1
1:A:234:ARG:NE	1:A:375:ASN:OD1	0.47	2.45	7	1
1:A:390:VAL:O	1:A:390:VAL:HG13	0.47	2.09	7	1
1:A:374:PHE:CE2	1:A:442:LEU:CD2	0.47	2.94	1	1
1:A:393:LEU:CG	1:A:413:LEU:HD11	0.47	2.39	9	2
1:A:211:LEU:HG	1:A:419:LEU:CD1	0.47	2.38	2	1
1:A:283:GLN:C	1:A:283:GLN:OE1	0.47	2.58	2	1
1:A:358:LYS:O	1:A:363:PHE:CD2	0.47	2.67	2	1
1:A:395:GLY:HA2	1:A:400:LEU:CD1	0.47	2.40	5	3
1:A:416:ALA:O	1:A:417:LEU:C	0.47	2.57	5	2
1:A:442:LEU:C	1:A:444:GLN:H	0.47	2.17	2	1
1:A:223:ILE:HG23	1:A:224:LYS:HD2	0.47	1.87	3	1
1:A:306:PHE:HA	1:A:309:LEU:HD11	0.47	1.86	4	1
1:A:419:LEU:O	1:A:423:LEU:CG	0.47	2.63	4	2
1:A:359:PRO:O	1:A:362:ASP:OD1	0.47	2.33	5	1
1:A:448:GLU:O	1:A:451:GLN:N	0.47	2.47	7	2
1:A:363:PHE:CE1	1:A:452:LEU:CB	0.47	2.97	8	1
1:A:396:ASP:OD1	1:A:397:ARG:HB2	0.47	2.09	9	1
1:A:402:ASN:C	1:A:406:ILE:HD11	0.47	2.35	9	1
1:A:420:GLN:O	1:A:420:GLN:HG3	0.47	1.99	9	1
1:A:230:LYS:CG	1:A:332:SER:CB	0.47	2.91	1	1
1:A:292:ALA:O	1:A:293:VAL:C	0.47	2.58	9	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:418:GLU:O	1:A:418:GLU:CD	0.47	2.57	1	1
1:A:448:GLU:C	1:A:450:VAL:N	0.47	2.72	6	6
1:A:310:ASP:O	1:A:314:GLN:HG2	0.47	2.09	2	1
1:A:357:ARG:C	1:A:362:ASP:OD1	0.47	2.58	2	1
1:A:456:ILE:HG22	1:A:457:LYS:H	0.47	1.69	7	6
1:A:337:ASP:O	1:A:350:ARG:N	0.47	2.46	9	3
1:A:233:ALA:O	1:A:237:LEU:CD1	0.47	2.63	4	1
1:A:281:ILE:HG22	1:A:282:PHE:N	0.47	2.25	4	1
1:A:360:PHE:HE1	1:A:456:ILE:HD12	0.47	1.66	4	1
1:A:233:ALA:CB	1:A:340:LEU:HG	0.47	2.40	9	2
1:A:338:GLY:O	1:A:368:PHE:CE2	0.47	2.68	8	1
1:A:249:ILE:CA	1:A:347:PHE:O	0.47	2.63	9	1
1:A:226:PHE:CE1	1:A:228:LEU:HB2	0.47	2.45	1	1
1:A:247:PHE:CZ	1:A:249:ILE:CG1	0.47	2.98	1	1
1:A:293:VAL:HG22	1:A:322:VAL:HG11	0.47	1.87	9	2
1:A:402:ASN:N	1:A:402:ASN:ND2	0.47	2.62	9	8
1:A:416:ALA:HA	1:A:419:LEU:CD2	0.47	2.39	9	2
1:A:317:LEU:HD13	1:A:317:LEU:N	0.47	2.25	6	1
1:A:473:TYR:CD1	1:A:473:TYR:C	0.47	2.92	7	1
1:A:336:LYS:CG	1:A:337:ASP:OD2	0.47	2.63	1	1
1:A:403:VAL:N	1:A:406:ILE:HD12	0.47	2.24	1	1
1:A:415:GLN:O	1:A:419:LEU:HB2	0.47	2.10	3	2
1:A:416:ALA:HA	1:A:419:LEU:HB3	0.47	1.86	7	6
1:A:460:GLU:O	1:A:461:THR:C	0.47	2.58	2	3
1:A:393:LEU:HB2	1:A:413:LEU:HD12	0.47	1.87	6	2
1:A:248:VAL:CG2	1:A:347:PHE:N	0.47	2.71	9	1
1:A:277:VAL:HG22	1:A:356:LEU:HD22	0.47	1.86	9	1
1:A:328:THR:HG22	1:A:329:MET:H	0.46	1.69	7	5
1:A:374:PHE:C	1:A:376:ALA:H	0.46	2.18	1	6
1:A:247:PHE:C	1:A:346:GLY:HA3	0.46	2.35	6	2
1:A:457:LYS:HD2	1:A:473:TYR:CE2	0.46	2.44	2	1
1:A:232:LYS:O	1:A:235:ALA:HB3	0.46	2.10	3	1
1:A:392:ILE:HG22	1:A:393:LEU:HD22	0.46	1.85	5	1
1:A:219:TYR:CZ	1:A:223:ILE:HD11	0.46	2.45	6	1
1:A:316:THR:HG23	1:A:398:PRO:O	0.46	2.10	6	1
1:A:386:ILE:CG2	1:A:417:LEU:N	0.46	2.78	6	1
1:A:395:GLY:CA	1:A:406:ILE:HG21	0.46	2.40	6	1
1:A:387:PHE:CZ	1:A:435:LEU:HD22	0.46	2.46	9	1
1:A:421:LEU:HD23	1:A:425:HIS:CD2	0.46	2.45	9	1
1:A:325:ILE:CG1	1:A:388:ILE:HG12	0.46	2.40	1	2
1:A:249:ILE:O	1:A:249:ILE:CG2	0.46	2.64	5	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:210:ASP:N	1:A:210:ASP:OD2	0.46	2.48	3	1
1:A:339:VAL:N	1:A:348:MET:O	0.46	2.48	6	2
1:A:211:LEU:HB2	1:A:419:LEU:HD11	0.46	1.85	9	1
1:A:317:LEU:HB2	1:A:394:SER:HA	0.46	1.88	9	1
1:A:367:LYS:HD3	1:A:445:ILE:CG2	0.46	2.41	9	1
1:A:437:GLN:HA	1:A:439:MET:HE2	0.46	1.86	9	1
1:A:249:ILE:CG2	1:A:348:MET:HG2	0.46	2.40	6	3
1:A:461:THR:O	1:A:462:ASP:HB2	0.46	2.09	2	6
1:A:467:PRO:C	1:A:469:LEU:H	0.46	2.18	3	8
1:A:363:PHE:CE2	1:A:452:LEU:CD2	0.46	2.94	2	1
1:A:393:LEU:O	1:A:410:GLN:HB2	0.46	2.10	3	1
1:A:430:GLN:N	1:A:430:GLN:OE1	0.46	2.48	3	1
1:A:394:SER:N	1:A:406:ILE:CG2	0.46	2.78	4	1
1:A:439:MET:O	1:A:442:LEU:CB	0.46	2.63	6	3
1:A:369:GLU:O	1:A:370:PHE:C	0.46	2.59	8	1
1:A:421:LEU:CD1	1:A:435:LEU:CD2	0.46	2.93	8	1
1:A:317:LEU:CD2	1:A:317:LEU:C	0.46	2.86	9	1
1:A:288:ARG:CZ	1:A:291:GLU:OE1	0.46	2.63	1	1
1:A:324:GLU:OE2	1:A:397:ARG:NH2	0.46	2.49	1	2
1:A:219:TYR:CD1	1:A:223:ILE:HB	0.46	2.46	3	1
1:A:228:LEU:HD11	1:A:340:LEU:HB3	0.46	1.86	3	1
1:A:230:LYS:HD2	1:A:332:SER:OG	0.46	2.11	3	1
1:A:210:ASP:O	1:A:214:LEU:CB	0.46	2.63	6	1
1:A:367:LYS:HE3	1:A:449:HIS:CG	0.46	2.45	6	1
1:A:419:LEU:O	1:A:423:LEU:HD12	0.46	2.10	6	1
1:A:436:LEU:HD12	1:A:437:GLN:HG2	0.46	1.86	8	1
1:A:211:LEU:CD1	1:A:211:LEU:O	0.46	2.63	9	1
1:A:306:PHE:CE1	1:A:392:ILE:HG13	0.46	2.45	9	1
1:A:312:ASN:CB	1:A:401:LEU:CD1	0.46	2.90	9	1
1:A:377:LEU:O	1:A:379:LEU:N	0.46	2.48	9	1
1:A:329:MET:O	1:A:332:SER:N	0.46	2.48	5	2
1:A:332:SER:OG	1:A:378:GLU:CD	0.46	2.58	4	4
1:A:394:SER:OG	1:A:397:ARG:HG3	0.46	2.09	1	1
1:A:435:LEU:HD12	1:A:435:LEU:C	0.46	2.36	8	2
1:A:221:SER:HB3	1:A:302:SER:OG	0.46	2.11	2	2
1:A:324:GLU:OE2	1:A:397:ARG:CZ	0.46	2.64	4	1
1:A:323:HIS:ND1	1:A:324:GLU:OE2	0.46	2.49	5	1
1:A:397:ARG:HD3	1:A:397:ARG:N	0.46	2.25	6	2
1:A:320:TYR:HB2	1:A:397:ARG:CG	0.46	2.40	7	2
1:A:281:ILE:HG21	1:A:356:LEU:HD21	0.46	1.87	8	1
1:A:211:LEU:CD2	1:A:420:GLN:HA	0.46	2.41	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:306:PHE:O	1:A:314:GLN:HG2	0.46	2.10	6	7
1:A:456:ILE:O	1:A:460:GLU:CA	0.46	2.61	3	3
1:A:276:GLU:OE2	1:A:357:ARG:HD3	0.46	2.11	4	2
1:A:280:ARG:HE	1:A:281:ILE:HD12	0.46	1.68	5	1
1:A:310:ASP:O	1:A:314:GLN:CG	0.46	2.64	5	3
1:A:459:THR:O	1:A:460:GLU:O	0.46	2.34	7	3
1:A:357:ARG:NH2	1:A:464:SER:OG	0.46	2.47	7	1
1:A:214:LEU:O	1:A:217:HIS:N	0.46	2.49	7	3
1:A:371:ALA:C	1:A:373:LYS:N	0.46	2.72	6	3
1:A:387:PHE:O	1:A:388:ILE:C	0.46	2.59	7	3
1:A:313:ASP:O	1:A:317:LEU:HD23	0.46	2.11	5	3
1:A:350:ARG:HA	1:A:353:LEU:CD1	0.46	2.40	9	2
1:A:380:ASP:OD1	1:A:383:ASP:OD2	0.46	2.34	5	4
1:A:306:PHE:CE2	1:A:392:ILE:HG21	0.46	2.45	5	1
1:A:276:GLU:O	1:A:280:ARG:HG2	0.46	2.11	6	1
1:A:292:ALA:HB3	1:A:326:ILE:HD11	0.46	1.86	6	1
1:A:306:PHE:CZ	1:A:392:ILE:HB	0.46	2.46	7	1
1:A:276:GLU:CD	1:A:357:ARG:HG3	0.46	2.35	8	1
1:A:369:GLU:O	1:A:372:VAL:N	0.46	2.49	8	1
1:A:419:LEU:O	1:A:423:LEU:CB	0.46	2.64	9	1
1:A:429:SER:O	1:A:431:LEU:N	0.46	2.49	3	2
1:A:468:LEU:O	1:A:472:ILE:HG13	0.46	2.11	1	6
1:A:331:ALA:CA	1:A:334:MET:SD	0.46	3.04	2	1
1:A:363:PHE:CD2	1:A:452:LEU:CD2	0.46	2.99	2	1
1:A:471:GLU:O	1:A:472:ILE:C	0.46	2.56	2	3
1:A:211:LEU:HD11	1:A:416:ALA:N	0.46	2.25	3	2
1:A:223:ILE:HG23	1:A:224:LYS:CD	0.46	2.41	3	1
1:A:323:HIS:NE2	1:A:324:GLU:CG	0.46	2.79	3	1
1:A:331:ALA:O	1:A:334:MET:HG2	0.46	2.11	3	2
1:A:388:ILE:HG23	1:A:389:ALA:H	0.46	1.70	3	1
1:A:371:ALA:O	1:A:375:ASN:OD1	0.46	2.33	6	2
1:A:380:ASP:C	1:A:382:SER:H	0.46	2.17	4	1
1:A:441:ASP:OD2	1:A:441:ASP:N	0.46	2.46	5	1
1:A:296:ILE:CB	1:A:318:LEU:HD21	0.46	2.40	6	1
1:A:246:PRO:O	1:A:248:VAL:CG2	0.46	2.64	8	1
1:A:325:ILE:CG1	1:A:388:ILE:CG1	0.46	2.94	1	1
1:A:339:VAL:CG1	1:A:364:MET:HG3	0.46	2.40	1	1
1:A:334:MET:CE	1:A:367:LYS:O	0.46	2.64	2	1
1:A:338:GLY:C	1:A:368:PHE:CZ	0.46	2.94	4	3
1:A:403:VAL:O	1:A:403:VAL:CG1	0.46	2.64	4	2
1:A:224:LYS:O	1:A:225:SER:C	0.46	2.59	5	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:289:SER:O	1:A:293:VAL:HG23	0.46	2.11	5	2
1:A:350:ARG:HD3	1:A:365:GLU:CD	0.46	2.36	7	2
1:A:235:ALA:C	1:A:239:GLY:C	0.46	2.82	4	2
1:A:236:ILE:CG1	1:A:246:PRO:HB3	0.46	2.41	1	1
1:A:329:MET:O	1:A:333:LEU:CD2	0.46	2.57	1	2
1:A:340:LEU:CD1	1:A:346:GLY:O	0.46	2.64	2	1
1:A:283:GLN:O	1:A:287:PHE:HB2	0.46	2.10	5	3
1:A:384:LEU:C	1:A:387:PHE:CD1	0.46	2.94	4	1
1:A:211:LEU:HD11	1:A:419:LEU:HD11	0.46	1.80	7	1
1:A:357:ARG:CB	1:A:360:PHE:HB2	0.46	2.40	8	2
1:A:432:PHE:CD2	1:A:433:ALA:N	0.46	2.84	7	1
1:A:248:VAL:CG2	1:A:341:ILE:HD11	0.46	2.41	9	1
1:A:292:ALA:HB1	1:A:296:ILE:HD11	0.45	1.88	9	2
1:A:394:SER:CA	1:A:397:ARG:HG2	0.45	2.41	1	1
1:A:306:PHE:HA	1:A:309:LEU:CD1	0.45	2.41	6	4
1:A:456:ILE:O	1:A:457:LYS:C	0.45	2.59	9	3
1:A:456:ILE:CG2	1:A:457:LYS:H	0.45	2.24	3	1
1:A:210:ASP:OD2	1:A:211:LEU:N	0.45	2.49	4	1
1:A:305:GLY:HA3	1:A:409:ILE:CD1	0.45	2.41	5	3
1:A:277:VAL:CG1	1:A:356:LEU:HB3	0.45	2.38	8	2
1:A:421:LEU:HG	1:A:425:HIS:CE1	0.45	2.47	7	1
1:A:393:LEU:CD1	1:A:409:ILE:C	0.45	2.89	8	1
1:A:282:PHE:CB	1:A:360:PHE:CE2	0.45	2.99	9	1
1:A:216:LYS:CD	1:A:220:ASP:OD2	0.45	2.64	1	1
1:A:311:LEU:O	1:A:315:VAL:HG23	0.45	2.11	4	2
1:A:217:HIS:O	1:A:220:ASP:HB2	0.45	2.11	3	2
1:A:317:LEU:HA	1:A:400:LEU:HD23	0.45	1.87	3	1
1:A:394:SER:OG	1:A:410:GLN:CD	0.45	2.59	3	1
1:A:418:GLU:O	1:A:422:LYS:HB2	0.45	2.11	3	2
1:A:341:ILE:HD12	1:A:347:PHE:C	0.45	2.36	4	1
1:A:380:ASP:CG	1:A:383:ASP:OD2	0.45	2.59	9	2
1:A:214:LEU:HG	1:A:218:LEU:HD22	0.45	1.87	6	2
1:A:223:ILE:HG22	1:A:224:LYS:HD2	0.45	1.88	8	1
1:A:249:ILE:CG2	1:A:352:PHE:CE2	0.45	2.99	8	1
1:A:317:LEU:HG	1:A:392:ILE:O	0.45	2.11	9	1
1:A:419:LEU:HG	1:A:423:LEU:CD1	0.45	2.39	3	3
1:A:424:ASN:OD1	1:A:425:HIS:N	0.45	2.49	2	3
1:A:357:ARG:NH2	1:A:460:GLU:OE2	0.45	2.47	3	1
1:A:390:VAL:HA	1:A:410:GLN:NE2	0.45	2.27	3	1
1:A:410:GLN:HA	1:A:413:LEU:HD12	0.45	1.88	3	1
1:A:309:LEU:HD23	1:A:405:PRO:HB2	0.45	1.88	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:219:TYR:CZ	1:A:223:ILE:HG12	0.45	2.46	5	1
1:A:404:LYS:O	1:A:408:ASP:HB2	0.45	2.11	9	2
1:A:420:GLN:HG3	1:A:421:LEU:N	0.45	2.25	5	1
1:A:313:ASP:OD1	1:A:401:LEU:N	0.45	2.47	6	1
1:A:390:VAL:CG1	1:A:414:LEU:HD12	0.45	2.41	9	1
1:A:353:LEU:HD11	1:A:368:PHE:CE1	0.45	2.46	2	1
1:A:455:VAL:HG12	1:A:455:VAL:O	0.45	2.11	2	1
1:A:222:TYR:OH	1:A:229:THR:CG2	0.45	2.63	4	1
1:A:318:LEU:HB3	1:A:322:VAL:CG2	0.45	2.41	4	1
1:A:326:ILE:O	1:A:330:LEU:CD1	0.45	2.65	4	2
1:A:334:MET:CE	1:A:368:PHE:N	0.45	2.68	5	1
1:A:374:PHE:CD1	1:A:441:ASP:OD1	0.45	2.69	5	1
1:A:421:LEU:O	1:A:425:HIS:C	0.45	2.60	5	1
1:A:424:ASN:O	1:A:424:ASN:OD1	0.45	2.34	5	1
1:A:390:VAL:HG12	1:A:413:LEU:CB	0.45	2.42	6	1
1:A:210:ASP:OD1	1:A:210:ASP:N	0.45	2.48	8	1
1:A:218:LEU:CD1	1:A:299:TYR:OH	0.45	2.63	8	1
1:A:388:ILE:O	1:A:391:ILE:N	0.45	2.48	8	1
1:A:457:LYS:HD3	1:A:473:TYR:CE2	0.45	2.47	1	1
1:A:277:VAL:HG13	1:A:280:ARG:NH2	0.45	2.25	2	1
1:A:313:ASP:O	1:A:317:LEU:CG	0.45	2.64	3	1
1:A:330:LEU:C	1:A:334:MET:HG2	0.45	2.37	4	1
1:A:229:THR:CB	1:A:381:ASP:OD1	0.45	2.64	5	1
1:A:230:LYS:CG	1:A:332:SER:HB2	0.45	2.42	5	1
1:A:350:ARG:HD3	1:A:365:GLU:OE2	0.45	2.11	7	2
1:A:377:LEU:CD1	1:A:438:LYS:HE2	0.45	2.42	5	1
1:A:289:SER:O	1:A:293:VAL:HG12	0.45	2.10	6	1
1:A:247:PHE:O	1:A:248:VAL:HG22	0.45	2.12	9	1
1:A:317:LEU:CD2	1:A:318:LEU:N	0.45	2.57	9	1
1:A:422:LYS:CA	1:A:426:PRO:HB3	0.45	2.42	9	1
1:A:350:ARG:HG3	1:A:354:LYS:CD	0.45	2.41	1	1
1:A:457:LYS:HD3	1:A:473:TYR:CZ	0.45	2.47	1	1
1:A:246:PRO:HB2	1:A:346:GLY:HA2	0.45	1.86	2	1
1:A:328:THR:HA	1:A:442:LEU:HD11	0.45	1.88	2	1
1:A:318:LEU:CB	1:A:322:VAL:CG2	0.45	2.94	4	1
1:A:363:PHE:CE1	1:A:364:MET:HB2	0.45	2.47	7	1
1:A:441:ASP:OD2	1:A:441:ASP:C	0.45	2.59	7	1
1:A:287:PHE:C	1:A:289:SER:N	0.45	2.73	4	3
1:A:351:GLU:O	1:A:355:SER:OG	0.45	2.29	1	6
1:A:387:PHE:O	1:A:391:ILE:HD12	0.45	2.11	1	1
1:A:465:LEU:HD12	1:A:469:LEU:HG	0.45	1.87	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:353:LEU:C	1:A:361:GLY:O	0.45	2.58	3	1
1:A:396:ASP:OD2	1:A:443:ARG:NH1	0.45	2.50	3	1
1:A:281:ILE:O	1:A:284:GLY:N	0.45	2.50	4	1
1:A:306:PHE:CE1	1:A:318:LEU:HD11	0.45	2.47	4	1
1:A:332:SER:C	1:A:334:MET:N	0.45	2.74	5	2
1:A:365:GLU:O	1:A:369:GLU:HB2	0.45	2.10	5	1
1:A:348:MET:CB	1:A:353:LEU:HD21	0.45	2.40	7	1
1:A:338:GLY:HA3	1:A:349:THR:HA	0.45	1.86	8	1
1:A:363:PHE:CE2	1:A:452:LEU:HB2	0.45	2.46	8	1
1:A:325:ILE:CD1	1:A:391:ILE:O	0.45	2.63	9	1
1:A:216:LYS:NZ	1:A:220:ASP:OD2	0.45	2.49	1	1
1:A:216:LYS:CA	1:A:216:LYS:HE2	0.45	2.41	4	2
1:A:230:LYS:HG3	1:A:332:SER:CB	0.45	2.41	1	1
1:A:424:ASN:O	1:A:425:HIS:ND1	0.45	2.49	8	2
1:A:356:LEU:HB2	1:A:361:GLY:C	0.45	2.36	2	1
1:A:363:PHE:CZ	1:A:452:LEU:HD21	0.45	2.45	2	1
1:A:385:ALA:O	1:A:386:ILE:C	0.45	2.60	2	1
1:A:230:LYS:HZ2	1:A:384:LEU:CD1	0.45	2.23	3	1
1:A:317:LEU:CB	1:A:400:LEU:CD2	0.45	2.95	3	1
1:A:356:LEU:HD12	1:A:360:PHE:C	0.45	2.37	4	1
1:A:280:ARG:HG3	1:A:281:ILE:H	0.45	1.72	6	1
1:A:325:ILE:HG13	1:A:388:ILE:HG12	0.45	1.87	6	1
1:A:466:HIS:CE1	1:A:471:GLU:H	0.45	2.30	6	1
1:A:397:ARG:HB2	1:A:400:LEU:CG	0.45	2.42	8	2
1:A:226:PHE:CD2	1:A:329:MET:HE1	0.45	2.47	2	3
1:A:230:LYS:HG2	1:A:384:LEU:HD11	0.45	1.88	2	1
1:A:380:ASP:OD1	1:A:382:SER:OG	0.45	2.33	5	4
1:A:377:LEU:HD11	1:A:438:LYS:HG2	0.45	1.88	4	1
1:A:335:ASN:O	1:A:336:LYS:C	0.45	2.59	6	1
1:A:236:ILE:HG21	1:A:246:PRO:HA	0.45	1.88	7	1
1:A:439:MET:O	1:A:442:LEU:HB2	0.45	2.12	7	1
1:A:230:LYS:CB	1:A:332:SER:HB3	0.45	2.42	9	1
1:A:387:PHE:CE1	1:A:436:LEU:HD23	0.45	2.46	9	1
1:A:324:GLU:O	1:A:328:THR:CB	0.45	2.62	1	1
1:A:228:LEU:HD12	1:A:333:LEU:HD13	0.45	1.89	2	1
1:A:238:THR:O	1:A:238:THR:OG1	0.45	2.34	9	2
1:A:284:GLY:C	1:A:286:GLN:H	0.45	2.20	3	3
1:A:421:LEU:HD21	1:A:431:LEU:HB3	0.45	1.87	2	1
1:A:351:GLU:HA	1:A:354:LYS:CG	0.45	2.42	3	1
1:A:379:LEU:HD11	1:A:421:LEU:HD22	0.45	1.88	3	1
1:A:326:ILE:HA	1:A:329:MET:HE2	0.45	1.88	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:360:PHE:HA	1:A:363:PHE:CE1	0.45	2.47	4	1
1:A:357:ARG:NH2	1:A:360:PHE:CE2	0.45	2.84	5	1
1:A:386:ILE:HG21	1:A:417:LEU:CA	0.45	2.42	6	1
1:A:384:LEU:O	1:A:388:ILE:HD12	0.45	2.12	9	1
1:A:384:LEU:O	1:A:387:PHE:CB	0.45	2.64	9	1
1:A:419:LEU:CG	1:A:420:GLN:N	0.45	2.79	9	1
1:A:419:LEU:CG	1:A:423:LEU:HD12	0.45	2.42	9	1
1:A:421:LEU:CD2	1:A:421:LEU:O	0.45	2.63	9	1
1:A:211:LEU:HD12	1:A:212:ARG:N	0.44	2.27	7	3
1:A:228:LEU:O	1:A:329:MET:HE1	0.44	2.12	1	1
1:A:456:ILE:HD13	1:A:460:GLU:OE1	0.44	2.13	1	1
1:A:277:VAL:O	1:A:280:ARG:HG2	0.44	2.12	2	1
1:A:331:ALA:N	1:A:334:MET:SD	0.44	2.91	2	1
1:A:432:PHE:O	1:A:433:ALA:C	0.44	2.59	7	2
1:A:400:LEU:HD22	1:A:406:ILE:HD13	0.44	1.88	5	1
1:A:357:ARG:HB2	1:A:360:PHE:CB	0.44	2.42	8	1
1:A:316:THR:HG23	1:A:399:GLY:O	0.44	2.12	9	1
1:A:377:LEU:HD12	1:A:379:LEU:CD2	0.44	2.42	9	1
1:A:292:ALA:O	1:A:296:ILE:N	0.44	2.43	1	3
1:A:219:TYR:CZ	1:A:386:ILE:HG13	0.44	2.47	2	1
1:A:370:PHE:CE1	1:A:442:LEU:CD2	0.44	3.00	2	1
1:A:219:TYR:CE1	1:A:223:ILE:HB	0.44	2.47	3	1
1:A:350:ARG:O	1:A:353:LEU:N	0.44	2.51	3	1
1:A:380:ASP:O	1:A:380:ASP:OD1	0.44	2.35	6	2
1:A:390:VAL:HG21	1:A:417:LEU:CB	0.44	2.41	3	1
1:A:377:LEU:CD1	1:A:438:LYS:CE	0.44	2.92	5	1
1:A:439:MET:O	1:A:442:LEU:CA	0.44	2.65	6	2
1:A:214:LEU:HG	1:A:218:LEU:CD2	0.44	2.42	7	1
1:A:217:HIS:HA	1:A:220:ASP:HB2	0.44	1.89	3	2
1:A:247:PHE:CA	1:A:346:GLY:HA3	0.44	2.42	2	3
1:A:331:ALA:CB	1:A:371:ALA:HA	0.44	2.39	2	1
1:A:414:LEU:HD21	1:A:432:PHE:HZ	0.44	1.72	2	1
1:A:276:GLU:HG3	1:A:277:VAL:N	0.44	2.27	5	2
1:A:329:MET:O	1:A:332:SER:HB3	0.44	2.13	5	1
1:A:395:GLY:N	1:A:406:ILE:HG21	0.44	2.27	6	1
1:A:467:PRO:O	1:A:468:LEU:CB	0.44	2.66	6	1
1:A:325:ILE:HD13	1:A:392:ILE:HG23	0.44	1.89	7	1
1:A:370:PHE:CG	1:A:441:ASP:HB2	0.44	2.47	7	1
1:A:380:ASP:CG	1:A:382:SER:HB2	0.44	2.37	7	1
1:A:222:TYR:CE1	1:A:385:ALA:HA	0.44	2.47	9	2
1:A:453:LEU:HD12	1:A:453:LEU:C	0.44	2.36	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:432:PHE:CE1	1:A:436:LEU:HD11	0.44	2.48	9	1
1:A:216:LYS:O	1:A:220:ASP:OD2	0.44	2.36	1	1
1:A:317:LEU:CD1	1:A:392:ILE:HG12	0.44	2.43	3	2
1:A:359:PRO:HB2	1:A:456:ILE:HD13	0.44	1.88	2	1
1:A:370:PHE:CE1	1:A:374:PHE:HB2	0.44	2.47	2	1
1:A:281:ILE:HG23	1:A:285:CYS:SG	0.44	2.52	5	1
1:A:453:LEU:HD22	1:A:473:TYR:CZ	0.44	2.48	5	1
1:A:317:LEU:HD21	1:A:406:ILE:CG1	0.44	2.43	6	1
1:A:440:THR:O	1:A:441:ASP:C	0.44	2.61	6	3
1:A:354:LYS:HG3	1:A:361:GLY:O	0.44	2.12	7	1
1:A:218:LEU:O	1:A:222:TYR:HB3	0.44	2.12	9	1
1:A:306:PHE:CZ	1:A:392:ILE:HG13	0.44	2.48	9	1
1:A:380:ASP:OD2	1:A:383:ASP:OD2	0.44	2.34	9	1
1:A:370:PHE:CD2	1:A:445:ILE:HG12	0.44	2.47	1	1
1:A:465:LEU:HG	1:A:469:LEU:HD12	0.44	1.89	7	2
1:A:311:LEU:O	1:A:315:VAL:CG2	0.44	2.66	2	1
1:A:453:LEU:O	1:A:457:LYS:HB2	0.44	2.13	4	1
1:A:325:ILE:CG2	1:A:388:ILE:HG12	0.44	2.41	5	1
1:A:282:PHE:CG	1:A:360:PHE:CZ	0.44	3.03	7	1
1:A:299:TYR:CE2	1:A:388:ILE:CG2	0.44	3.01	7	2
1:A:233:ALA:HB1	1:A:340:LEU:HG	0.44	1.90	8	2
1:A:282:PHE:CB	1:A:360:PHE:CD2	0.44	3.01	9	1
1:A:432:PHE:CD1	1:A:433:ALA:N	0.44	2.85	9	1
1:A:236:ILE:HD11	1:A:340:LEU:HD12	0.44	1.89	1	1
1:A:222:TYR:CE2	1:A:388:ILE:CG2	0.44	2.99	2	1
1:A:306:PHE:CA	1:A:309:LEU:HG	0.44	2.42	2	1
1:A:351:GLU:HA	1:A:354:LYS:HD2	0.44	1.89	2	1
1:A:214:LEU:HG	1:A:218:LEU:HD13	0.44	1.90	5	1
1:A:327:TYR:CG	1:A:446:VAL:CG2	0.44	3.00	5	1
1:A:374:PHE:CZ	1:A:438:LYS:HD3	0.44	2.48	5	1
1:A:393:LEU:O	1:A:410:GLN:HG3	0.44	2.11	6	2
1:A:233:ALA:HA	1:A:340:LEU:HG	0.44	1.90	9	1
1:A:278:ALA:HB1	1:A:360:PHE:HB3	0.44	1.89	1	1
1:A:370:PHE:CE2	1:A:445:ILE:HG12	0.44	2.48	1	1
1:A:211:LEU:CG	1:A:419:LEU:HD22	0.44	2.42	2	1
1:A:293:VAL:CA	1:A:322:VAL:HG21	0.44	2.42	2	1
1:A:365:GLU:OE1	1:A:365:GLU:O	0.44	2.36	3	1
1:A:237:LEU:HD13	1:A:340:LEU:CD1	0.44	2.42	5	1
1:A:334:MET:HE3	1:A:368:PHE:CA	0.44	2.40	5	1
1:A:360:PHE:CE1	1:A:456:ILE:HG21	0.44	2.47	5	1
1:A:426:PRO:O	1:A:427:GLU:CD	0.44	2.61	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:453:LEU:HD12	1:A:457:LYS:HB3	0.44	1.88	5	1
1:A:277:VAL:O	1:A:280:ARG:HG3	0.44	2.12	6	1
1:A:306:PHE:O	1:A:314:GLN:CG	0.44	2.65	6	1
1:A:370:PHE:HD2	1:A:445:ILE:HD11	0.44	1.63	7	1
1:A:371:ALA:O	1:A:375:ASN:N	0.44	2.31	8	1
1:A:423:LEU:O	1:A:426:PRO:HD3	0.44	2.13	8	1
1:A:229:THR:HB	1:A:381:ASP:CG	0.44	2.37	3	4
1:A:282:PHE:CD1	1:A:282:PHE:O	0.44	2.71	2	1
1:A:366:PRO:HB2	1:A:445:ILE:CG2	0.44	2.42	2	1
1:A:226:PHE:CE2	1:A:329:MET:SD	0.44	3.11	3	1
1:A:325:ILE:HG12	1:A:388:ILE:CD1	0.44	2.42	6	1
1:A:276:GLU:OE1	1:A:357:ARG:HD3	0.44	2.12	2	1
1:A:439:MET:CA	1:A:442:LEU:HB2	0.44	2.43	2	1
1:A:226:PHE:CZ	1:A:229:THR:HG22	0.44	2.48	3	1
1:A:335:ASN:O	1:A:335:ASN:OD1	0.44	2.36	3	2
1:A:393:LEU:HB2	1:A:406:ILE:O	0.44	2.13	4	1
1:A:397:ARG:N	1:A:397:ARG:CD	0.44	2.78	6	1
1:A:390:VAL:HG22	1:A:410:GLN:OE1	0.44	2.13	8	1
1:A:419:LEU:O	1:A:423:LEU:HB2	0.44	2.13	9	1
1:A:313:ASP:CA	1:A:401:LEU:HD12	0.43	2.42	1	1
1:A:394:SER:OG	1:A:397:ARG:CB	0.43	2.66	1	1
1:A:453:LEU:O	1:A:457:LYS:CB	0.43	2.66	8	4
1:A:368:PHE:CD1	1:A:368:PHE:N	0.43	2.86	2	1
1:A:223:ILE:CG2	1:A:224:LYS:HD2	0.43	2.43	5	1
1:A:222:TYR:HD2	1:A:299:TYR:CE2	0.43	2.31	6	1
1:A:360:PHE:CD1	1:A:456:ILE:CG1	0.43	3.01	6	1
1:A:400:LEU:HD13	1:A:403:VAL:HG23	0.43	1.89	9	1
1:A:422:LYS:HA	1:A:426:PRO:HA	0.43	1.90	9	1
1:A:287:PHE:CD2	1:A:291:GLU:CD	0.43	2.96	3	3
1:A:287:PHE:CD1	1:A:291:GLU:HG3	0.43	2.48	3	2
1:A:288:ARG:NH2	1:A:291:GLU:OE2	0.43	2.51	1	1
1:A:325:ILE:HG13	1:A:388:ILE:CG1	0.43	2.42	1	3
1:A:289:SER:C	1:A:291:GLU:N	0.43	2.76	6	4
1:A:437:GLN:O	1:A:439:MET:HG3	0.43	2.12	2	1
1:A:219:TYR:CE2	1:A:382:SER:CB	0.43	3.01	4	1
1:A:300:ALA:HB1	1:A:306:PHE:CZ	0.43	2.48	4	1
1:A:310:ASP:CG	1:A:401:LEU:CD1	0.43	2.86	4	2
1:A:357:ARG:CD	1:A:360:PHE:HB2	0.43	2.43	6	1
1:A:299:TYR:OH	1:A:385:ALA:O	0.43	2.27	7	2
1:A:306:PHE:CE1	1:A:392:ILE:HB	0.43	2.48	7	1
1:A:456:ILE:HD12	1:A:456:ILE:C	0.43	2.36	1	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:217:HIS:O	1:A:220:ASP:HB3	0.43	2.13	2	1
1:A:414:LEU:CD2	1:A:417:LEU:HD12	0.43	2.41	3	1
1:A:247:PHE:N	1:A:346:GLY:HA3	0.43	2.27	6	2
1:A:388:ILE:HD13	1:A:388:ILE:C	0.43	2.38	6	1
1:A:320:TYR:HB2	1:A:397:ARG:CD	0.43	2.44	7	1
1:A:355:SER:O	1:A:355:SER:OG	0.43	2.30	8	1
1:A:356:LEU:HD12	1:A:361:GLY:HA3	0.43	1.90	8	1
1:A:406:ILE:O	1:A:408:ASP:N	0.43	2.52	9	1
1:A:223:ILE:O	1:A:223:ILE:CG2	0.43	2.67	1	1
1:A:352:PHE:O	1:A:353:LEU:C	0.43	2.61	1	2
1:A:394:SER:HB2	1:A:406:ILE:CG2	0.43	2.42	1	1
1:A:299:TYR:CG	1:A:300:ALA:N	0.43	2.84	2	2
1:A:247:PHE:HB3	1:A:346:GLY:HA2	0.43	1.90	3	1
1:A:421:LEU:HD11	1:A:431:LEU:CD1	0.43	2.18	3	1
1:A:218:LEU:O	1:A:222:TYR:CD2	0.43	2.70	5	1
1:A:435:LEU:HA	1:A:438:LYS:CE	0.43	2.43	6	1
1:A:421:LEU:HD23	1:A:422:LYS:N	0.43	2.29	8	1
1:A:276:GLU:O	1:A:278:ALA:N	0.43	2.50	9	1
1:A:353:LEU:HD13	1:A:364:MET:CB	0.43	2.37	9	1
1:A:389:ALA:HA	1:A:392:ILE:CG2	0.43	2.42	9	1
1:A:393:LEU:HB2	1:A:410:GLN:HG2	0.43	1.91	9	2
1:A:309:LEU:HB3	1:A:406:ILE:HD11	0.43	1.91	2	1
1:A:313:ASP:OD2	1:A:402:ASN:O	0.43	2.37	2	1
1:A:317:LEU:HA	1:A:397:ARG:CD	0.43	2.44	2	1
1:A:341:ILE:CG2	1:A:348:MET:H	0.43	2.26	7	4
1:A:374:PHE:O	1:A:377:LEU:HG	0.43	2.13	6	3
1:A:457:LYS:HE3	1:A:473:TYR:CE2	0.43	2.48	3	1
1:A:444:GLN:C	1:A:446:VAL:N	0.43	2.76	4	1
1:A:229:THR:O	1:A:333:LEU:CD1	0.43	2.67	5	1
1:A:237:LEU:O	1:A:238:THR:CG2	0.43	2.67	5	1
1:A:338:GLY:C	1:A:339:VAL:CG1	0.43	2.92	8	2
1:A:414:LEU:HD13	1:A:432:PHE:CZ	0.43	2.49	5	1
1:A:379:LEU:CD1	1:A:425:HIS:ND1	0.43	2.81	7	1
1:A:317:LEU:O	1:A:321:GLY:HA3	0.43	2.14	9	1
1:A:317:LEU:CD1	1:A:392:ILE:O	0.43	2.66	9	1
1:A:216:LYS:HD2	1:A:220:ASP:CG	0.43	2.38	7	2
1:A:414:LEU:CD2	1:A:432:PHE:CD2	0.43	3.01	3	1
1:A:249:ILE:CG2	1:A:348:MET:HG3	0.43	2.43	4	1
1:A:318:LEU:C	1:A:321:GLY:H	0.43	2.22	4	2
1:A:411:ASP:O	1:A:415:GLN:NE2	0.43	2.46	5	1
1:A:306:PHE:CZ	1:A:392:ILE:HG21	0.43	2.47	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:424:ASN:C	1:A:425:HIS:CD2	0.43	2.97	7	1
1:A:215:ALA:O	1:A:219:TYR:N	0.43	2.45	9	1
1:A:371:ALA:O	1:A:375:ASN:CB	0.43	2.67	9	1
1:A:364:MET:O	1:A:367:LYS:N	0.43	2.52	1	1
1:A:374:PHE:CZ	1:A:438:LYS:HB3	0.43	2.48	1	2
1:A:437:GLN:C	1:A:439:MET:N	0.43	2.75	7	3
1:A:284:GLY:O	1:A:286:GLN:N	0.43	2.51	3	1
1:A:387:PHE:O	1:A:390:VAL:HB	0.43	2.13	3	1
1:A:406:ILE:HG22	1:A:407:GLU:N	0.43	2.29	3	1
1:A:379:LEU:HB3	1:A:425:HIS:CE1	0.43	2.49	5	1
1:A:218:LEU:CD1	1:A:389:ALA:CB	0.43	2.97	8	1
1:A:429:SER:O	1:A:430:GLN:C	0.43	2.61	1	1
1:A:277:VAL:HG13	1:A:280:ARG:CZ	0.43	2.43	2	1
1:A:314:GLN:HA	1:A:317:LEU:CD2	0.43	2.43	3	1
1:A:381:ASP:O	1:A:385:ALA:HB2	0.43	2.13	4	1
1:A:453:LEU:HA	1:A:456:ILE:CD1	0.43	2.44	4	1
1:A:390:VAL:CG1	1:A:410:GLN:NE2	0.43	2.80	5	1
1:A:444:GLN:O	1:A:447:THR:CG2	0.43	2.64	9	1
1:A:383:ASP:OD1	1:A:420:GLN:HG3	0.43	2.13	1	2
1:A:389:ALA:C	1:A:391:ILE:N	0.43	2.76	1	1
1:A:230:LYS:HD2	1:A:332:SER:CB	0.43	2.44	3	1
1:A:305:GLY:HA3	1:A:409:ILE:HD12	0.43	1.90	4	1
1:A:320:TYR:CB	1:A:397:ARG:HG3	0.43	2.42	4	1
1:A:469:LEU:HD23	1:A:473:TYR:H	0.43	1.74	6	1
1:A:367:LYS:NZ	1:A:449:HIS:CB	0.43	2.82	7	1
1:A:441:ASP:O	1:A:445:ILE:HB	0.43	2.14	8	2
1:A:234:ARG:NH1	1:A:340:LEU:CD2	0.43	2.82	8	1
1:A:369:GLU:O	1:A:373:LYS:HG3	0.43	2.14	8	1
1:A:402:ASN:ND2	1:A:402:ASN:N	0.43	2.64	8	1
1:A:383:ASP:OD2	1:A:425:HIS:CD2	0.43	2.72	9	1
1:A:325:ILE:CG2	1:A:388:ILE:HG13	0.43	2.43	3	2
1:A:380:ASP:OD1	1:A:380:ASP:O	0.43	2.37	1	1
1:A:393:LEU:CG	1:A:409:ILE:CG2	0.43	2.96	9	2
1:A:230:LYS:O	1:A:234:ARG:HD3	0.43	2.14	2	1
1:A:247:PHE:HB3	1:A:346:GLY:N	0.43	2.29	2	1
1:A:293:VAL:HB	1:A:322:VAL:HG21	0.43	1.90	2	1
1:A:341:ILE:HG21	1:A:348:MET:CB	0.43	2.44	2	1
1:A:228:LEU:HD22	1:A:333:LEU:HD11	0.43	1.90	3	1
1:A:249:ILE:HG21	1:A:348:MET:CE	0.43	2.32	3	1
1:A:287:PHE:C	1:A:291:GLU:OE1	0.43	2.62	3	2
1:A:453:LEU:CD2	1:A:473:TYR:CE2	0.43	3.01	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:246:PRO:C	1:A:346:GLY:HA3	0.43	2.38	6	1
1:A:351:GLU:O	1:A:355:SER:HB3	0.43	2.14	6	2
1:A:370:PHE:HB2	1:A:445:ILE:CD1	0.43	2.44	8	2
1:A:233:ALA:CA	1:A:340:LEU:HG	0.43	2.44	9	1
1:A:390:VAL:CG1	1:A:410:GLN:OE1	0.43	2.66	9	1
1:A:374:PHE:O	1:A:376:ALA:N	0.42	2.52	1	1
1:A:313:ASP:HB2	1:A:401:LEU:HB2	0.42	1.90	2	1
1:A:320:TYR:O	1:A:324:GLU:OE2	0.42	2.37	4	1
1:A:362:ASP:O	1:A:362:ASP:OD1	0.42	2.37	4	1
1:A:367:LYS:HG3	1:A:445:ILE:CG2	0.42	2.44	5	1
1:A:278:ALA:CA	1:A:356:LEU:HD13	0.42	2.43	6	1
1:A:471:GLU:C	1:A:472:ILE:CG1	0.42	2.92	6	1
1:A:219:TYR:CD1	1:A:223:ILE:HD13	0.42	2.49	7	1
1:A:276:GLU:OE1	1:A:278:ALA:CB	0.42	2.66	7	1
1:A:452:LEU:HG	1:A:453:LEU:N	0.42	2.29	8	1
1:A:296:ILE:HD12	1:A:296:ILE:H	0.42	1.74	9	1
1:A:354:LYS:CE	1:A:365:GLU:HB2	0.42	2.44	9	1
1:A:389:ALA:O	1:A:413:LEU:HD13	0.42	2.14	9	1
1:A:396:ASP:OD1	1:A:397:ARG:CD	0.42	2.66	9	1
1:A:331:ALA:C	1:A:371:ALA:HB1	0.42	2.39	1	2
1:A:466:HIS:ND1	1:A:469:LEU:N	0.42	2.67	2	1
1:A:230:LYS:NZ	1:A:379:LEU:O	0.42	2.45	8	2
1:A:453:LEU:HA	1:A:456:ILE:HD11	0.42	1.90	4	1
1:A:339:VAL:CG1	1:A:353:LEU:HD11	0.42	2.40	5	1
1:A:355:SER:O	1:A:356:LEU:C	0.42	2.62	6	1
1:A:387:PHE:O	1:A:390:VAL:CG2	0.42	2.48	6	1
1:A:378:GLU:OE1	1:A:384:LEU:CD1	0.42	2.67	7	1
1:A:353:LEU:HD21	1:A:368:PHE:CZ	0.42	2.49	9	1
1:A:221:SER:HB3	1:A:302:SER:HB2	0.42	1.91	4	3
1:A:232:LYS:O	1:A:236:ILE:HG12	0.42	2.15	1	1
1:A:394:SER:HA	1:A:397:ARG:HG2	0.42	1.89	1	1
1:A:236:ILE:O	1:A:246:PRO:HD3	0.42	2.13	2	1
1:A:246:PRO:HB2	1:A:346:GLY:C	0.42	2.39	2	1
1:A:456:ILE:HG22	1:A:457:LYS:N	0.42	2.29	2	3
1:A:211:LEU:CG	1:A:419:LEU:HD13	0.42	2.40	5	2
1:A:327:TYR:O	1:A:370:PHE:CZ	0.42	2.72	4	1
1:A:279:ILE:O	1:A:283:GLN:NE2	0.42	2.49	5	1
1:A:350:ARG:CG	1:A:354:LYS:CD	0.42	2.97	5	1
1:A:378:GLU:OE2	1:A:384:LEU:CD2	0.42	2.67	5	1
1:A:323:HIS:O	1:A:327:TYR:CB	0.42	2.67	7	1
1:A:432:PHE:HA	1:A:435:LEU:HB3	0.42	1.90	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:350:ARG:C	1:A:352:PHE:H	0.42	2.23	7	3
1:A:359:PRO:HB3	1:A:456:ILE:HD12	0.42	1.91	2	1
1:A:247:PHE:CE1	1:A:249:ILE:HG13	0.42	2.49	3	1
1:A:418:GLU:HB2	1:A:432:PHE:CB	0.42	2.43	4	2
1:A:430:GLN:CD	1:A:430:GLN:N	0.42	2.78	4	1
1:A:446:VAL:O	1:A:448:GLU:N	0.42	2.53	6	2
1:A:326:ILE:HG22	1:A:330:LEU:HD11	0.42	1.91	5	1
1:A:354:LYS:CE	1:A:365:GLU:OE1	0.42	2.68	8	1
1:A:354:LYS:CG	1:A:362:ASP:HA	0.42	2.44	8	1
1:A:248:VAL:HG22	1:A:346:GLY:HA3	0.42	1.90	9	1
1:A:317:LEU:HD12	1:A:406:ILE:HG21	0.42	1.91	9	1
1:A:456:ILE:C	1:A:460:GLU:HG2	0.42	2.40	8	4
1:A:453:LEU:HA	1:A:456:ILE:HG22	0.42	1.91	3	2
1:A:348:MET:HG2	1:A:353:LEU:HD21	0.42	1.91	3	1
1:A:388:ILE:HG23	1:A:389:ALA:N	0.42	2.30	3	1
1:A:306:PHE:CZ	1:A:318:LEU:HD11	0.42	2.50	4	1
1:A:453:LEU:CD2	1:A:457:LYS:HG3	0.42	2.40	4	1
1:A:225:SER:HB2	1:A:299:TYR:CD2	0.42	2.48	5	1
1:A:234:ARG:NH1	1:A:334:MET:O	0.42	2.51	5	1
1:A:290:VAL:O	1:A:294:GLN:HG3	0.42	2.14	5	1
1:A:421:LEU:HA	1:A:425:HIS:CE1	0.42	2.48	7	1
1:A:320:TYR:O	1:A:397:ARG:HD2	0.42	2.15	1	1
1:A:472:ILE:CD1	1:A:473:TYR:N	0.42	2.77	2	2
1:A:300:ALA:O	1:A:303:ILE:N	0.42	2.52	3	1
1:A:221:SER:OG	1:A:302:SER:HB2	0.42	2.10	5	1
1:A:293:VAL:HG22	1:A:322:VAL:CB	0.42	2.39	5	1
1:A:412:ASN:O	1:A:415:GLN:N	0.42	2.53	5	1
1:A:370:PHE:CE1	1:A:441:ASP:HB2	0.42	2.49	7	1
1:A:403:VAL:HA	1:A:406:ILE:CG1	0.42	2.45	9	1
1:A:465:LEU:HG	1:A:466:HIS:N	0.42	2.30	1	3
1:A:303:ILE:C	1:A:305:GLY:H	0.42	2.23	3	3
1:A:311:LEU:HD12	1:A:312:ASN:ND2	0.42	2.29	5	1
1:A:341:ILE:HG23	1:A:347:PHE:CA	0.42	2.39	5	1
1:A:220:ASP:O	1:A:224:LYS:HD2	0.42	2.13	8	2
1:A:222:TYR:CD1	1:A:385:ALA:HA	0.42	2.49	8	1
1:A:363:PHE:CD1	1:A:363:PHE:O	0.42	2.73	9	1
1:A:467:PRO:O	1:A:468:LEU:C	0.42	2.62	9	1
1:A:278:ALA:CB	1:A:360:PHE:CB	0.42	2.98	1	1
1:A:326:ILE:HG22	1:A:330:LEU:HD21	0.42	1.85	1	1
1:A:462:ASP:O	1:A:463:MET:O	0.42	2.38	1	1
1:A:214:LEU:O	1:A:217:HIS:HB3	0.42	2.14	3	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:353:LEU:CD1	1:A:364:MET:CB	0.42	2.97	2	1
1:A:359:PRO:HB3	1:A:456:ILE:CD1	0.42	2.42	2	1
1:A:424:ASN:OD1	1:A:424:ASN:C	0.42	2.63	2	2
1:A:362:ASP:OD1	1:A:365:GLU:HB3	0.42	2.14	3	1
1:A:379:LEU:CG	1:A:435:LEU:HD11	0.42	2.45	3	1
1:A:422:LYS:CG	1:A:426:PRO:HB3	0.42	2.44	9	2
1:A:211:LEU:HD22	1:A:419:LEU:HD21	0.42	1.87	4	1
1:A:279:ILE:C	1:A:279:ILE:CD1	0.42	2.92	6	1
1:A:432:PHE:CE1	1:A:436:LEU:CD1	0.42	3.02	9	1
1:A:230:LYS:HG3	1:A:332:SER:HB3	0.42	1.89	1	1
1:A:405:PRO:C	1:A:406:ILE:HD12	0.42	2.40	2	1
1:A:328:THR:HG21	1:A:387:PHE:CD1	0.42	2.50	3	1
1:A:397:ARG:NH1	1:A:443:ARG:HD2	0.42	2.30	3	1
1:A:222:TYR:HB3	1:A:385:ALA:HB1	0.42	1.90	5	1
1:A:285:CYS:SG	1:A:348:MET:SD	0.42	3.17	5	1
1:A:285:CYS:HB3	1:A:363:PHE:CE1	0.42	2.50	6	1
1:A:291:GLU:C	1:A:295:GLU:HG3	0.42	2.40	2	1
1:A:427:GLU:O	1:A:428:SER:C	0.42	2.63	2	1
1:A:320:TYR:O	1:A:396:ASP:OD2	0.42	2.37	3	2
1:A:323:HIS:NE2	1:A:324:GLU:HG2	0.42	2.30	3	1
1:A:334:MET:SD	1:A:368:PHE:CE1	0.42	3.12	3	1
1:A:214:LEU:O	1:A:215:ALA:C	0.42	2.63	6	3
1:A:335:ASN:O	1:A:336:LYS:CB	0.42	2.68	4	1
1:A:422:LYS:CD	1:A:426:PRO:HB3	0.42	2.45	4	2
1:A:465:LEU:HD12	1:A:465:LEU:C	0.42	2.40	5	2
1:A:357:ARG:CG	1:A:360:PHE:C	0.42	2.92	6	1
1:A:327:TYR:OH	1:A:449:HIS:NE2	0.42	2.51	7	1
1:A:390:VAL:HA	1:A:410:GLN:OE1	0.42	2.14	8	1
1:A:350:ARG:HA	1:A:353:LEU:CG	0.42	2.45	9	1
1:A:406:ILE:O	1:A:407:GLU:C	0.42	2.63	9	1
1:A:393:LEU:HD13	1:A:393:LEU:HA	0.41	1.73	2	1
1:A:456:ILE:HG13	1:A:460:GLU:HA	0.41	1.92	3	1
1:A:317:LEU:HA	1:A:397:ARG:HG3	0.41	1.91	6	1
1:A:282:PHE:CD2	1:A:360:PHE:CE2	0.41	3.08	8	1
1:A:425:HIS:N	1:A:426:PRO:HD3	0.41	2.30	8	1
1:A:375:ASN:N	1:A:375:ASN:HD22	0.41	2.13	9	1
1:A:380:ASP:OD1	1:A:383:ASP:OD1	0.41	2.37	9	1
1:A:396:ASP:OD1	1:A:396:ASP:C	0.41	2.63	9	1
1:A:315:VAL:HG12	1:A:316:THR:N	0.41	2.30	1	1
1:A:466:HIS:ND1	1:A:469:LEU:HG	0.41	2.31	7	2
1:A:276:GLU:HG2	1:A:279:ILE:H	0.41	1.76	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:374:PHE:CE2	1:A:438:LYS:HG2	0.41	2.50	2	1
1:A:287:PHE:O	1:A:291:GLU:OE1	0.41	2.38	3	2
1:A:354:LYS:CB	1:A:362:ASP:CB	0.41	2.98	3	1
1:A:249:ILE:CG2	1:A:341:ILE:HD11	0.41	2.45	4	1
1:A:334:MET:CE	1:A:368:PHE:CD1	0.41	3.03	4	1
1:A:356:LEU:O	1:A:357:ARG:O	0.41	2.38	4	1
1:A:289:SER:OG	1:A:326:ILE:HD13	0.41	2.15	5	1
1:A:393:LEU:O	1:A:406:ILE:CG2	0.41	2.65	5	1
1:A:394:SER:OG	1:A:396:ASP:OD1	0.41	2.38	5	1
1:A:296:ILE:HG22	1:A:318:LEU:HD11	0.41	1.92	6	1
1:A:379:LEU:HD13	1:A:421:LEU:CD2	0.41	2.45	6	1
1:A:452:LEU:O	1:A:456:ILE:HG13	0.41	2.14	8	1
1:A:299:TYR:OH	1:A:385:ALA:C	0.41	2.62	9	1
1:A:394:SER:C	1:A:396:ASP:N	0.41	2.78	9	1
1:A:364:MET:CE	1:A:368:PHE:HB3	0.41	2.45	1	1
1:A:230:LYS:HB3	1:A:332:SER:CB	0.41	2.45	3	1
1:A:446:VAL:O	1:A:447:THR:C	0.41	2.63	6	2
1:A:323:HIS:CE1	1:A:324:GLU:OE2	0.41	2.73	5	1
1:A:379:LEU:HD13	1:A:425:HIS:CE1	0.41	2.49	6	1
1:A:320:TYR:HB3	1:A:397:ARG:CZ	0.41	2.45	8	1
1:A:332:SER:OG	1:A:378:GLU:OE2	0.41	2.37	8	1
1:A:338:GLY:O	1:A:339:VAL:HG13	0.41	2.15	8	1
1:A:248:VAL:O	1:A:249:ILE:HG23	0.41	2.07	9	1
1:A:339:VAL:HG12	1:A:348:MET:CB	0.41	2.45	9	1
1:A:421:LEU:O	1:A:425:HIS:CD2	0.41	2.73	1	1
1:A:424:ASN:C	1:A:425:HIS:ND1	0.41	2.79	1	1
1:A:249:ILE:CG2	1:A:348:MET:SD	0.41	3.08	2	1
1:A:455:VAL:O	1:A:455:VAL:CG1	0.41	2.69	2	1
1:A:223:ILE:C	1:A:223:ILE:CD1	0.41	2.91	3	1
1:A:397:ARG:C	1:A:399:GLY:H	0.41	2.24	3	1
1:A:282:PHE:CZ	1:A:360:PHE:CE2	0.41	3.08	4	1
1:A:340:LEU:C	1:A:341:ILE:HG22	0.41	2.40	4	1
1:A:397:ARG:H	1:A:400:LEU:HD12	0.41	1.75	6	1
1:A:466:HIS:ND1	1:A:466:HIS:C	0.41	2.79	6	1
1:A:229:THR:O	1:A:233:ALA:HB2	0.41	2.16	8	1
1:A:393:LEU:HD21	1:A:409:ILE:CG2	0.41	2.46	9	1
1:A:226:PHE:CD2	1:A:329:MET:CE	0.41	3.04	1	1
1:A:393:LEU:CD2	1:A:409:ILE:CG2	0.41	2.98	2	1
1:A:249:ILE:HG23	1:A:348:MET:CG	0.41	2.45	4	1
1:A:363:PHE:CD2	1:A:449:HIS:CE1	0.41	3.09	4	1
1:A:465:LEU:N	1:A:465:LEU:CD2	0.41	2.83	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:297:THR:HG23	1:A:301:LYS:HD2	0.41	1.92	9	1
1:A:306:PHE:O	1:A:309:LEU:CD1	0.41	2.68	9	1
1:A:364:MET:N	1:A:366:PRO:HD2	0.41	2.31	1	1
1:A:374:PHE:HA	1:A:377:LEU:HD23	0.41	1.93	1	1
1:A:387:PHE:CE2	1:A:436:LEU:CD2	0.41	2.98	1	1
1:A:309:LEU:O	1:A:402:ASN:OD1	0.41	2.38	2	1
1:A:418:GLU:CB	1:A:432:PHE:CB	0.41	2.99	4	1
1:A:323:HIS:NE2	1:A:324:GLU:HG3	0.41	2.31	5	1
1:A:228:LEU:CD1	1:A:233:ALA:HB2	0.41	2.45	6	1
1:A:325:ILE:HG12	1:A:388:ILE:HD11	0.41	1.92	6	1
1:A:314:GLN:O	1:A:317:LEU:CG	0.41	2.69	7	1
1:A:352:PHE:O	1:A:355:SER:HB3	0.41	2.15	8	1
1:A:390:VAL:HG13	1:A:410:GLN:OE1	0.41	2.15	9	1
1:A:439:MET:HA	1:A:442:LEU:CB	0.41	2.46	9	1
1:A:222:TYR:CD2	1:A:299:TYR:CZ	0.41	3.08	2	1
1:A:220:ASP:C	1:A:222:TYR:H	0.41	2.22	5	1
1:A:362:ASP:O	1:A:362:ASP:CG	0.41	2.62	5	1
1:A:420:GLN:O	1:A:420:GLN:CG	0.41	2.67	6	2
1:A:315:VAL:O	1:A:319:LYS:N	0.41	2.41	7	1
1:A:387:PHE:C	1:A:387:PHE:HD1	0.41	2.15	7	1
1:A:389:ALA:HA	1:A:392:ILE:HD12	0.41	1.92	8	1
1:A:325:ILE:HG22	1:A:326:ILE:N	0.41	2.30	1	1
1:A:293:VAL:HA	1:A:318:LEU:CD2	0.41	2.46	2	1
1:A:367:LYS:HE3	1:A:445:ILE:HG22	0.41	1.91	2	1
1:A:284:GLY:O	1:A:287:PHE:N	0.41	2.54	3	1
1:A:301:LYS:HA	1:A:307:VAL:CG2	0.41	2.46	3	1
1:A:374:PHE:CE1	1:A:438:LYS:HB3	0.41	2.50	4	1
1:A:318:LEU:CB	1:A:322:VAL:CG1	0.41	2.99	5	1
1:A:354:LYS:HG3	1:A:361:GLY:C	0.41	2.40	7	1
1:A:396:ASP:OD2	1:A:443:ARG:NH2	0.41	2.54	7	1
1:A:377:LEU:HD12	1:A:379:LEU:CG	0.41	2.46	9	1
1:A:391:ILE:O	1:A:391:ILE:HG22	0.41	2.14	9	1
1:A:236:ILE:CD1	1:A:340:LEU:HD11	0.41	2.45	2	1
1:A:449:HIS:NE2	1:A:450:VAL:HG23	0.41	2.30	2	1
1:A:218:LEU:N	1:A:218:LEU:HD23	0.41	2.31	3	1
1:A:323:HIS:CE1	1:A:443:ARG:NH1	0.41	2.89	3	1
1:A:325:ILE:HG13	1:A:391:ILE:CG2	0.41	2.46	3	1
1:A:459:THR:O	1:A:460:GLU:C	0.41	2.64	3	1
1:A:235:ALA:CA	1:A:239:GLY:O	0.41	2.69	4	1
1:A:418:GLU:O	1:A:422:LYS:HG3	0.41	2.16	5	1
1:A:292:ALA:CB	1:A:326:ILE:CG1	0.41	2.98	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:403:VAL:O	1:A:403:VAL:HG13	0.41	2.15	6	1
1:A:431:LEU:HD22	1:A:431:LEU:HA	0.41	1.82	6	1
1:A:249:ILE:HG23	1:A:348:MET:HA	0.41	1.93	7	1
1:A:379:LEU:HD12	1:A:425:HIS:NE2	0.41	2.31	7	1
1:A:335:ASN:CG	1:A:336:LYS:H	0.41	2.24	8	1
1:A:358:LYS:O	1:A:362:ASP:HB3	0.41	2.16	8	1
1:A:379:LEU:CD2	1:A:421:LEU:HG	0.41	2.45	8	1
1:A:397:ARG:HB2	1:A:400:LEU:HD11	0.41	1.92	8	1
1:A:230:LYS:CB	1:A:384:LEU:CD1	0.41	2.99	9	1
1:A:249:ILE:HA	1:A:347:PHE:O	0.41	2.15	9	1
1:A:277:VAL:HG13	1:A:356:LEU:HB2	0.41	1.92	9	1
1:A:317:LEU:CA	1:A:400:LEU:CD2	0.41	2.99	9	1
1:A:339:VAL:HG23	1:A:368:PHE:CE1	0.41	2.50	9	1
1:A:375:ASN:O	1:A:378:GLU:HG2	0.41	2.15	9	1
1:A:422:LYS:HA	1:A:426:PRO:CA	0.41	2.45	9	1
1:A:435:LEU:O	1:A:438:LYS:HB2	0.41	2.16	9	1
1:A:460:GLU:OE2	1:A:464:SER:CB	0.41	2.68	9	1
1:A:230:LYS:HG2	1:A:332:SER:HB3	0.41	1.91	1	1
1:A:286:GLN:NE2	1:A:449:HIS:CE1	0.41	2.89	2	1
1:A:456:ILE:CG1	1:A:460:GLU:HA	0.41	2.46	2	1
1:A:390:VAL:HG22	1:A:414:LEU:HA	0.41	1.93	3	1
1:A:359:PRO:HA	1:A:452:LEU:CD1	0.41	2.46	4	1
1:A:228:LEU:HD12	1:A:333:LEU:HD12	0.41	1.91	5	1
1:A:247:PHE:O	1:A:248:VAL:C	0.41	2.64	5	1
1:A:211:LEU:CG	1:A:419:LEU:HD11	0.41	2.45	6	1
1:A:325:ILE:HD11	1:A:391:ILE:HG22	0.41	1.91	7	1
1:A:362:ASP:OD1	1:A:362:ASP:C	0.41	2.63	9	1
1:A:218:LEU:CD1	1:A:413:LEU:HD22	0.40	2.46	3	1
1:A:325:ILE:HG21	1:A:388:ILE:CG1	0.40	2.45	3	1
1:A:320:TYR:HB3	1:A:397:ARG:CG	0.40	2.45	4	1
1:A:237:LEU:HD12	1:A:246:PRO:HG3	0.40	1.93	5	1
1:A:318:LEU:HB3	1:A:322:VAL:CG1	0.40	2.46	5	1
1:A:378:GLU:OE2	1:A:384:LEU:HD22	0.40	2.16	5	1
1:A:348:MET:CE	1:A:352:PHE:CG	0.40	2.96	7	1
1:A:282:PHE:CE2	1:A:360:PHE:CE1	0.40	3.09	1	1
1:A:394:SER:HB2	1:A:400:LEU:HD11	0.40	1.91	1	1
1:A:227:PRO:O	1:A:232:LYS:HG3	0.40	2.15	2	1
1:A:292:ALA:CA	1:A:295:GLU:HG3	0.40	2.46	2	1
1:A:328:THR:HA	1:A:442:LEU:CD1	0.40	2.45	2	1
1:A:339:VAL:C	1:A:340:LEU:O	0.40	2.63	2	1
1:A:214:LEU:HD11	1:A:218:LEU:HD21	0.40	1.93	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:356:LEU:HG	1:A:361:GLY:O	0.40	2.16	6	1
1:A:280:ARG:O	1:A:283:GLN:HG2	0.40	2.16	8	1
1:A:417:LEU:HD21	1:A:435:LEU:HD23	0.40	1.93	8	1
1:A:313:ASP:OD2	1:A:406:ILE:CD1	0.40	2.68	1	1
1:A:421:LEU:C	1:A:421:LEU:HD23	0.40	2.41	1	1
1:A:354:LYS:CA	1:A:362:ASP:HB3	0.40	2.45	3	1
1:A:418:GLU:OE1	1:A:418:GLU:O	0.40	2.39	4	1
1:A:282:PHE:CE1	1:A:363:PHE:CZ	0.40	3.09	5	1
1:A:373:LYS:O	1:A:373:LYS:HG3	0.40	2.17	5	1
1:A:448:GLU:O	1:A:449:HIS:C	0.40	2.64	5	2
1:A:233:ALA:O	1:A:237:LEU:CG	0.40	2.69	6	1
1:A:456:ILE:HG13	1:A:460:GLU:CD	0.40	2.41	6	1
1:A:467:PRO:O	1:A:468:LEU:CD1	0.40	2.63	6	1
1:A:282:PHE:O	1:A:286:GLN:HB3	0.40	2.17	7	1
1:A:397:ARG:HB2	1:A:400:LEU:CD1	0.40	2.46	8	1
1:A:317:LEU:HD12	1:A:394:SER:OG	0.40	2.16	9	1
1:A:316:THR:CG2	1:A:400:LEU:HD23	0.40	2.46	1	1
1:A:324:GLU:C	1:A:327:TYR:CD1	0.40	2.99	2	1
1:A:341:ILE:HG21	1:A:348:MET:N	0.40	2.31	2	1
1:A:318:LEU:CD2	1:A:322:VAL:HB	0.40	2.43	3	1
1:A:328:THR:CG2	1:A:329:MET:H	0.40	2.29	4	1
1:A:303:ILE:CD1	1:A:303:ILE:H	0.40	2.27	5	1
1:A:278:ALA:HB2	1:A:356:LEU:CB	0.40	2.46	6	1
1:A:468:LEU:O	1:A:469:LEU:CB	0.40	2.70	6	1
1:A:327:TYR:CD2	1:A:446:VAL:CG1	0.40	3.04	7	1
1:A:249:ILE:CB	1:A:349:THR:HG23	0.40	2.46	9	1
1:A:396:ASP:OD1	1:A:397:ARG:N	0.40	2.55	9	1
1:A:324:GLU:HA	1:A:442:LEU:CD1	0.40	2.46	1	1
1:A:417:LEU:CG	1:A:418:GLU:N	0.40	2.83	1	1
1:A:313:ASP:CG	1:A:402:ASN:H	0.40	2.25	2	1
1:A:441:ASP:OD1	1:A:441:ASP:C	0.40	2.62	3	1
1:A:212:ARG:NE	1:A:212:ARG:HA	0.40	2.32	4	1
1:A:316:THR:HG21	1:A:400:LEU:N	0.40	2.30	4	1
1:A:249:ILE:HG13	1:A:341:ILE:HD11	0.40	1.91	5	1
1:A:351:GLU:HA	1:A:354:LYS:CD	0.40	2.47	6	1
1:A:471:GLU:C	1:A:472:ILE:HG13	0.40	2.41	6	1
1:A:306:PHE:CE1	1:A:317:LEU:CD1	0.40	3.04	7	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	228/270 (84%)	137±2 (60±1%)	59±3 (26±1%)	33±3 (14±1%)	05
All	All	2052/2430 (84%)	1230 (60%)	528 (26%)	294 (14%)	05

All 73 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	301	LYS	9
1	A	360	PHE	9
1	A	417	LEU	9
1	A	439	MET	9
1	A	440	THR	9
1	A	462	ASP	9
1	A	463	MET	9
1	A	225	SER	8
1	A	247	PHE	8
1	A	309	LEU	8
1	A	359	PRO	8
1	A	437	GLN	8
1	A	279	ILE	7
1	A	362	ASP	7
1	A	393	LEU	7
1	A	351	GLU	7
1	A	238	THR	6
1	A	305	GLY	6
1	A	355	SER	6
1	A	381	ASP	6
1	A	377	LEU	6
1	A	468	LEU	6
1	A	322	VAL	5
1	A	356	LEU	5
1	A	419	LEU	5
1	A	460	GLU	5
1	A	464	SER	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	425	HIS	5
1	A	431	LEU	5
1	A	211	LEU	4
1	A	220	ASP	4
1	A	296	ILE	4
1	A	379	LEU	4
1	A	239	GLY	4
1	A	395	GLY	4
1	A	406	ILE	4
1	A	427	GLU	4
1	A	428	SER	3
1	A	228	LEU	3
1	A	340	LEU	3
1	A	446	VAL	3
1	A	461	THR	3
1	A	385	ALA	3
1	A	357	ARG	3
1	A	248	VAL	3
1	A	441	ASP	3
1	A	396	ASP	2
1	A	430	GLN	2
1	A	298	GLU	2
1	A	429	SER	2
1	A	392	ILE	2
1	A	465	LEU	2
1	A	394	SER	1
1	A	216	LYS	1
1	A	386	ILE	1
1	A	442	LEU	1
1	A	444	GLN	1
1	A	467	PRO	1
1	A	278	ALA	1
1	A	411	ASP	1
1	A	276	GLU	1
1	A	387	PHE	1
1	A	333	LEU	1
1	A	451	GLN	1
1	A	469	LEU	1
1	A	472	ILE	1
1	A	473	TYR	1
1	A	223	ILE	1
1	A	388	ILE	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	433	ALA	1
1	A	227	PRO	1
1	A	249	ILE	1
1	A	378	GLU	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	204/243 (84%)	115±6 (56±3%)	89±6 (44±3%)	0	3
All	All	1836/2187 (84%)	1035 (56%)	801 (44%)	0	3

All 166 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	211	LEU	9
1	A	216	LYS	9
1	A	228	LEU	9
1	A	234	ARG	9
1	A	249	ILE	9
1	A	281	ILE	9
1	A	297	THR	9
1	A	298	GLU	9
1	A	303	ILE	9
1	A	307	VAL	9
1	A	311	LEU	9
1	A	318	LEU	9
1	A	336	LYS	9
1	A	353	LEU	9
1	A	358	LYS	9
1	A	373	LYS	9
1	A	377	LEU	9
1	A	403	VAL	9
1	A	410	GLN	9
1	A	417	LEU	9
1	A	420	GLN	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	430	GLN	9
1	A	435	LEU	9
1	A	439	MET	9
1	A	461	THR	9
1	A	465	LEU	9
1	A	232	LYS	8
1	A	317	LEU	8
1	A	325	ILE	8
1	A	330	LEU	8
1	A	354	LYS	8
1	A	442	LEU	8
1	A	421	LEU	8
1	A	223	ILE	7
1	A	230	LYS	7
1	A	276	GLU	7
1	A	328	THR	7
1	A	333	LEU	7
1	A	341	ILE	7
1	A	356	LEU	7
1	A	357	ARG	7
1	A	413	LEU	7
1	A	419	LEU	7
1	A	438	LYS	7
1	A	458	LYS	7
1	A	468	LEU	7
1	A	472	ILE	7
1	A	279	ILE	7
1	A	288	ARG	7
1	A	388	ILE	7
1	A	418	GLU	7
1	A	434	LYS	7
1	A	453	LEU	7
1	A	236	ILE	7
1	A	218	LEU	6
1	A	316	THR	6
1	A	340	LEU	6
1	A	364	MET	6
1	A	402	ASN	6
1	A	414	LEU	6
1	A	441	ASP	6
1	A	382	SER	6
1	A	393	LEU	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	397	ARG	6
1	A	456	ILE	6
1	A	237	LEU	6
1	A	238	THR	6
1	A	347	PHE	6
1	A	374	PHE	6
1	A	378	GLU	6
1	A	469	LEU	6
1	A	294	GLN	5
1	A	363	PHE	5
1	A	422	LYS	5
1	A	428	SER	5
1	A	445	ILE	5
1	A	457	LYS	5
1	A	404	LYS	5
1	A	432	PHE	5
1	A	449	HIS	5
1	A	431	LEU	5
1	A	355	SER	5
1	A	220	ASP	4
1	A	392	ILE	4
1	A	425	HIS	4
1	A	460	GLU	4
1	A	210	ASP	4
1	A	283	GLN	4
1	A	299	TYR	4
1	A	302	SER	4
1	A	370	PHE	4
1	A	387	PHE	4
1	A	448	GLU	4
1	A	451	GLN	4
1	A	459	THR	4
1	A	319	LYS	4
1	A	367	LYS	4
1	A	379	LEU	4
1	A	444	GLN	4
1	A	226	PHE	4
1	A	280	ARG	4
1	A	427	GLU	4
1	A	224	LYS	3
1	A	332	SER	3
1	A	368	PHE	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	396	ASP	3
1	A	464	SER	3
1	A	470	GLN	3
1	A	214	LEU	3
1	A	348	MET	3
1	A	360	PHE	3
1	A	437	GLN	3
1	A	286	GLN	3
1	A	335	ASN	3
1	A	337	ASP	3
1	A	351	GLU	3
1	A	400	LEU	3
1	A	407	GLU	3
1	A	440	THR	3
1	A	339	VAL	3
1	A	390	VAL	3
1	A	350	ARG	2
1	A	372	VAL	2
1	A	394	SER	2
1	A	463	MET	2
1	A	282	PHE	2
1	A	293	VAL	2
1	A	308	ASN	2
1	A	380	ASP	2
1	A	386	ILE	2
1	A	406	ILE	2
1	A	412	ASN	2
1	A	473	TYR	2
1	A	323	HIS	2
1	A	362	ASP	2
1	A	369	GLU	2
1	A	383	ASP	2
1	A	452	LEU	2
1	A	462	ASP	2
1	A	222	TYR	2
1	A	296	ILE	2
1	A	326	ILE	2
1	A	352	PHE	2
1	A	424	ASN	2
1	A	248	VAL	2
1	A	285	CYS	2
1	A	315	VAL	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	324	GLU	1
1	A	365	GLU	1
1	A	314	GLN	1
1	A	327	TYR	1
1	A	375	ASN	1
1	A	381	ASP	1
1	A	429	SER	1
1	A	212	ARG	1
1	A	320	TYR	1
1	A	221	SER	1
1	A	247	PHE	1
1	A	289	SER	1
1	A	446	VAL	1
1	A	454	GLN	1
1	A	466	HIS	1
1	A	436	LEU	1
1	A	290	VAL	1
1	A	334	MET	1
1	A	443	ARG	1

6.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates ⓘ

There are no oligosaccharides in this entry.

6.6 Ligand geometry ⓘ

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers ⓘ

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues ⓘ

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided