



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Mar 1, 2026 – 03:29 PM UTC

PDB ID : 1TFB / pdb_00001tfb
Title : NMR STUDIES OF HUMAN GENERAL TRANSCRIPTION FACTOR
TFIIB: DYNAMICS AND INTERACTION WITH VP16 ACTIVATION DO-
MAIN, 20 STRUCTURES
Authors : Bagby, S.; Ikura, M.
Deposited on : 1996-11-14

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

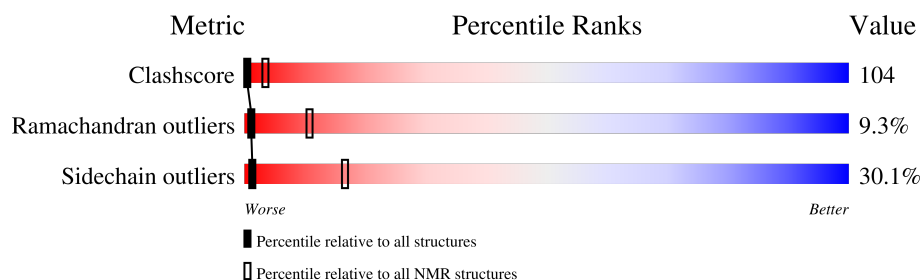
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

SOLUTION NMR

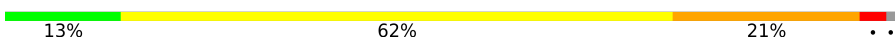
The overall completeness of chemical shifts assignment was not calculated.

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	208	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. The atoms present in the NMR models are not consistent. Some calculations may have failed as a result. All residues are included in the validation scores. Model 14 is the overall representative, medoid model (most similar to other models).

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

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:112-A:316 (205)	0.92	14

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 4 clusters and 1 single-model cluster was found.

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

3 Entry composition [i](#)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 3273 atoms, of which 1666 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called TFIIB.

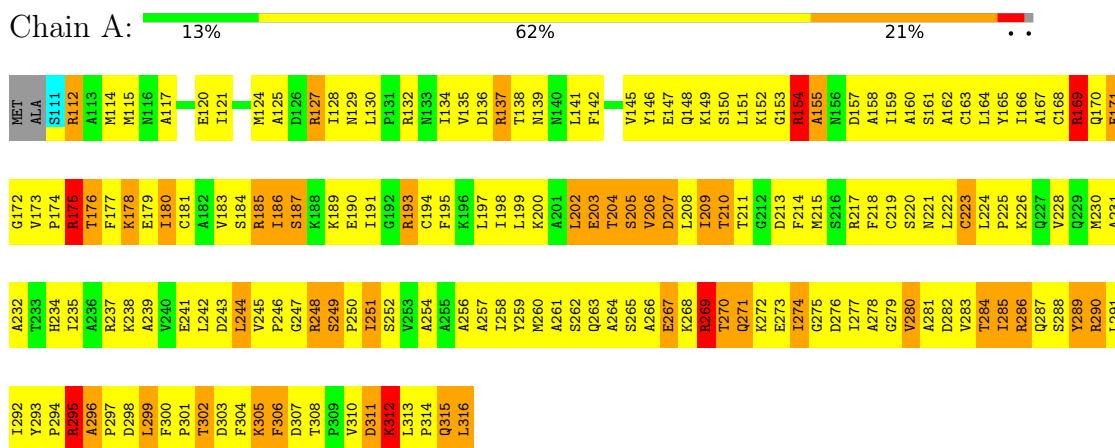
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	206	Total	C	H	N	O	S	0
			3273	1013	1666	287	295	12	

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: TFIIB



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

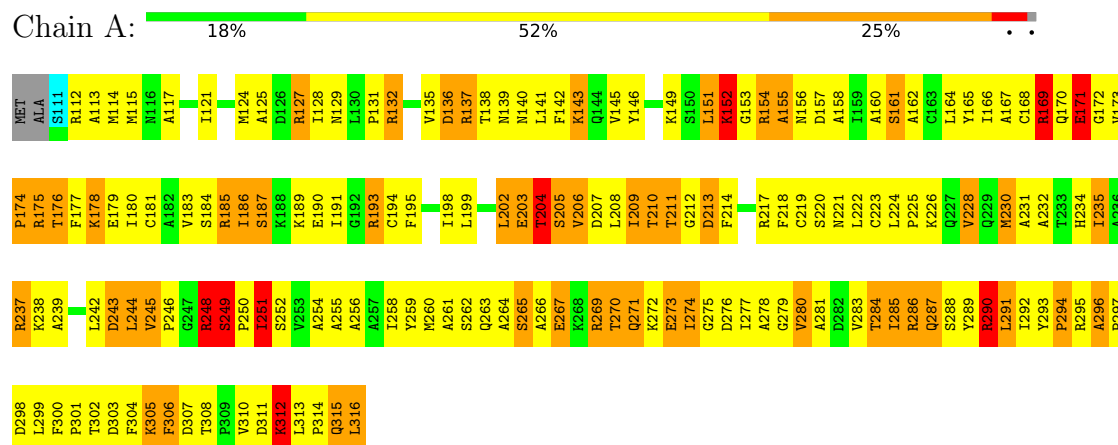
- Molecule 1: TFIIB





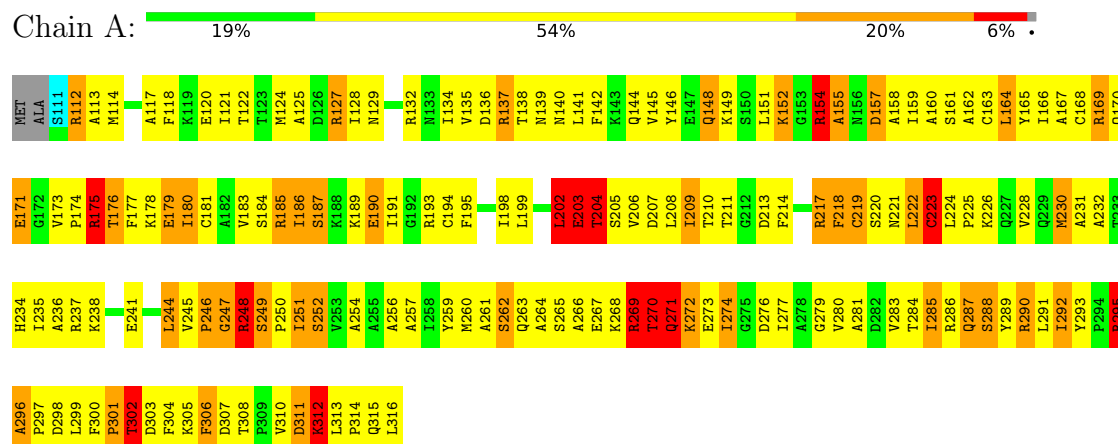
4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: TFIIB



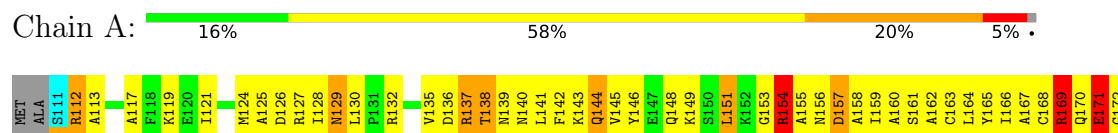
4.2.3 Score per residue for model 3

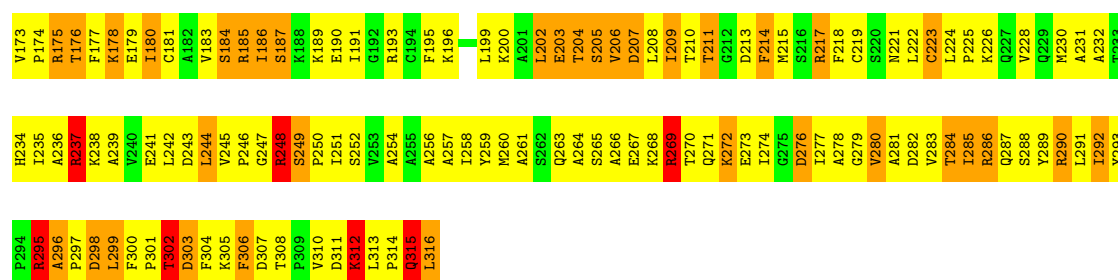
- Molecule 1: TFIIB



4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: TFIIB

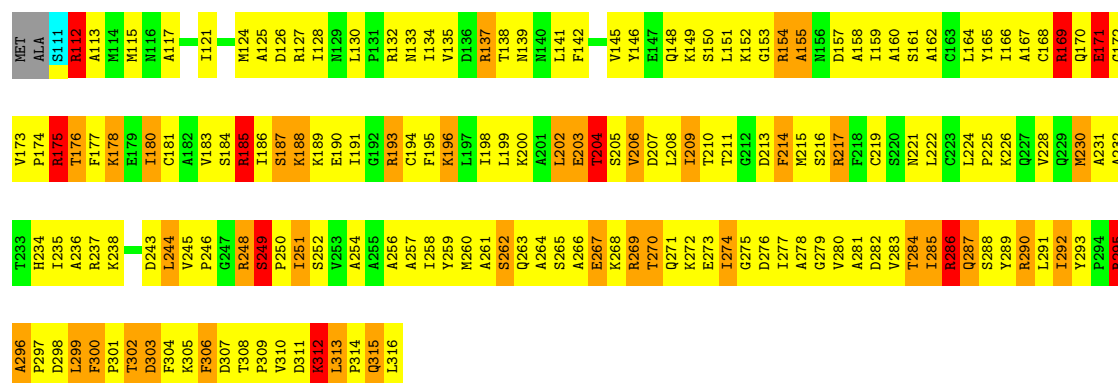




4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: TFIIB

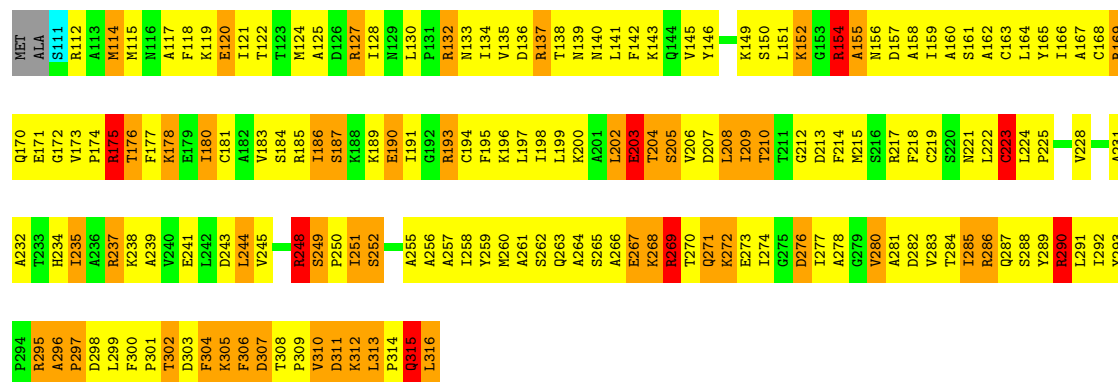
Chain A: 17% 58% 18% 5% .



4.2.6 Score per residue for model 6

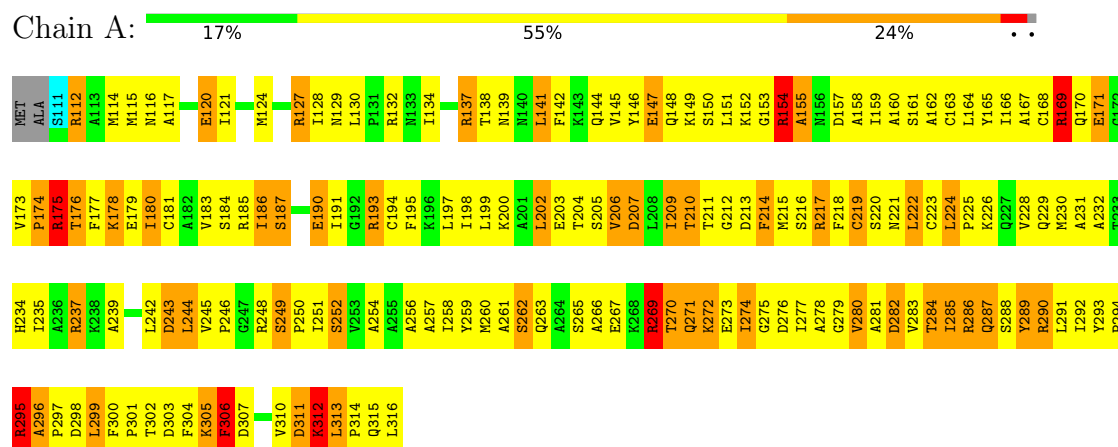
- Molecule 1: TFIIB

Chain A: 16% 56% 23% . .



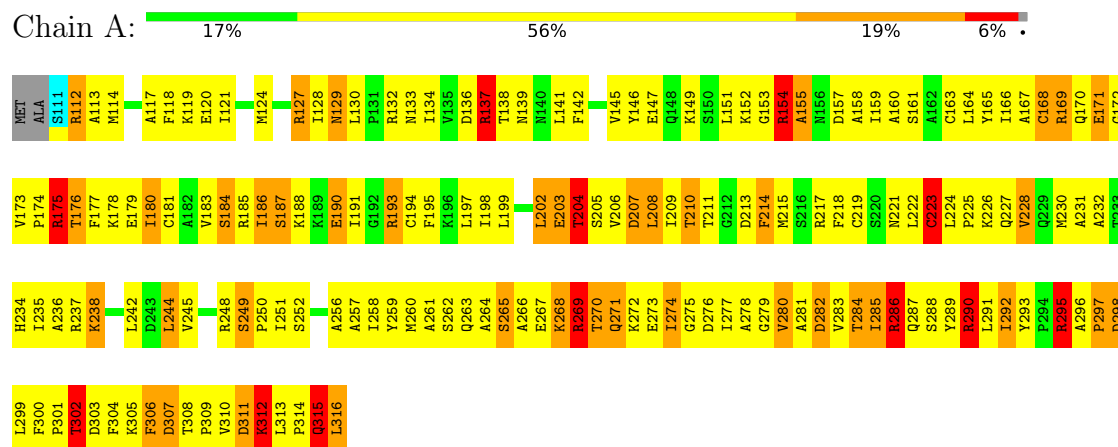
4.2.7 Score per residue for model 7

• Molecule 1: TFIIB



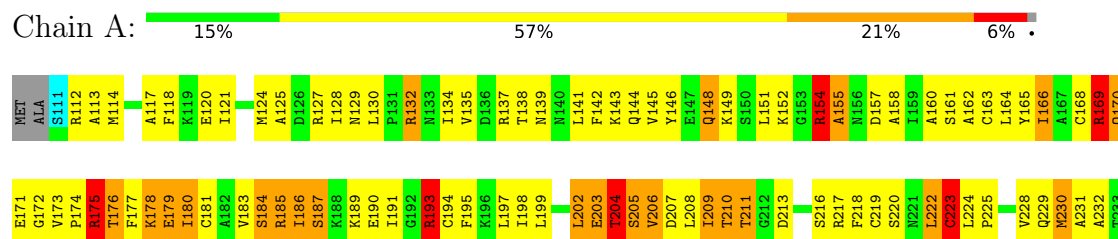
4.2.8 Score per residue for model 8

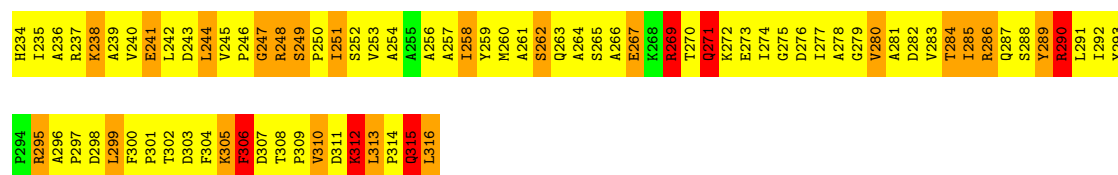
• Molecule 1: TFIIB



4.2.9 Score per residue for model 9

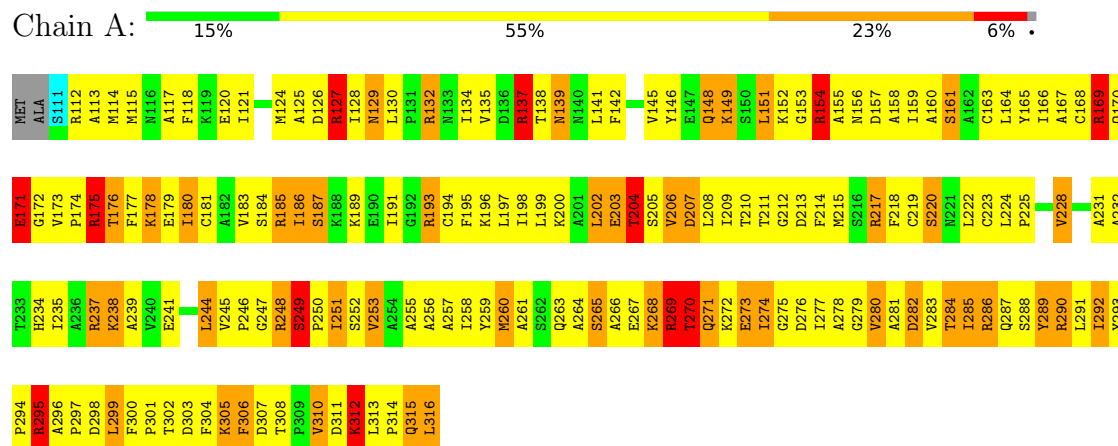
• Molecule 1: TFIIB





4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: TFIIB



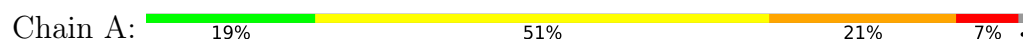
4.2.11 Score per residue for model 11

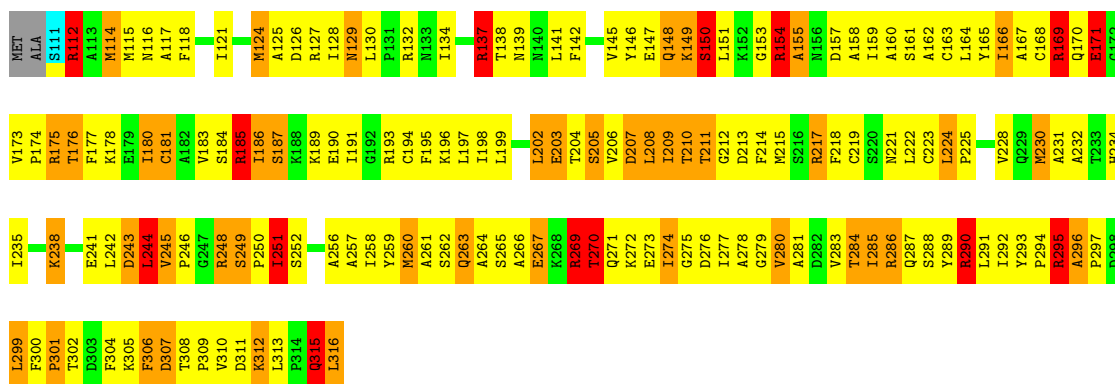
- Molecule 1: TFIIB



4.2.12 Score per residue for model 12

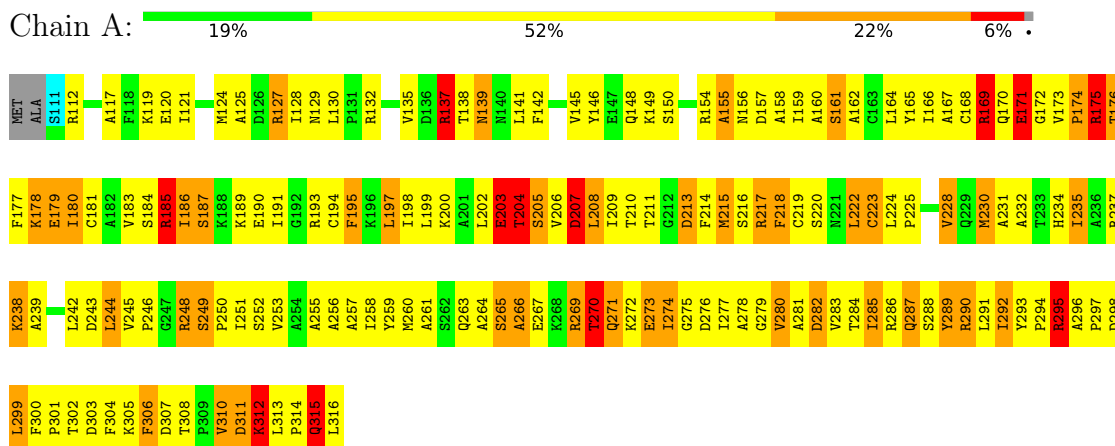
- Molecule 1: TFIIB





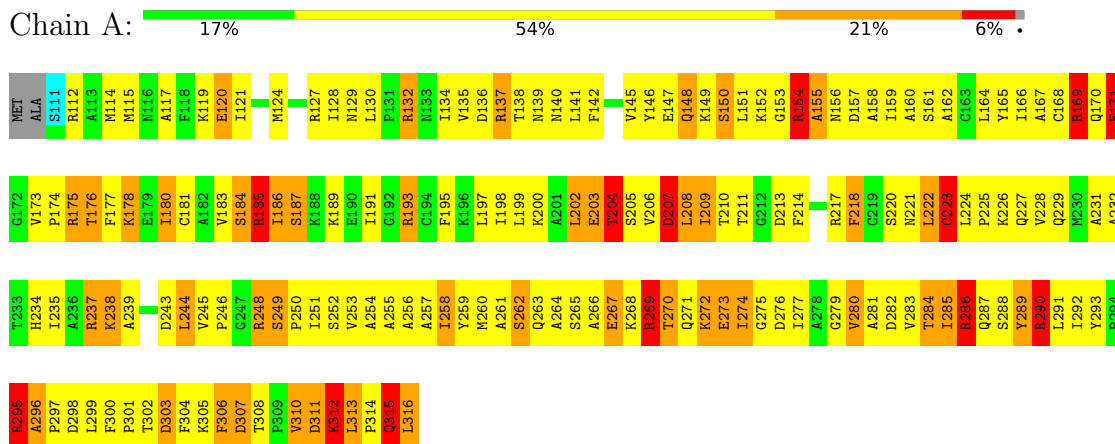
4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: TFIIB



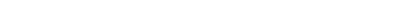
4.2.14 Score per residue for model 14 (medoid)

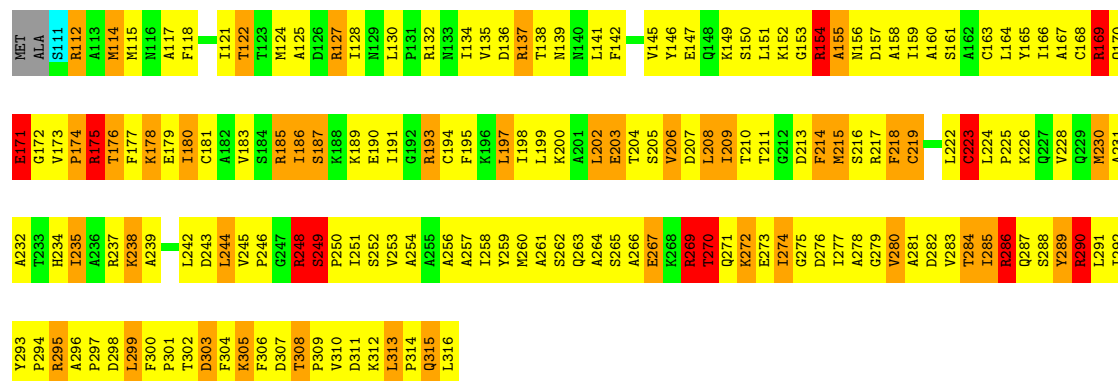
- Molecule 1: TFIIB



4.2.15 Score per residue for model 15

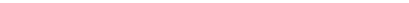
- Molecule 1: TFIIB

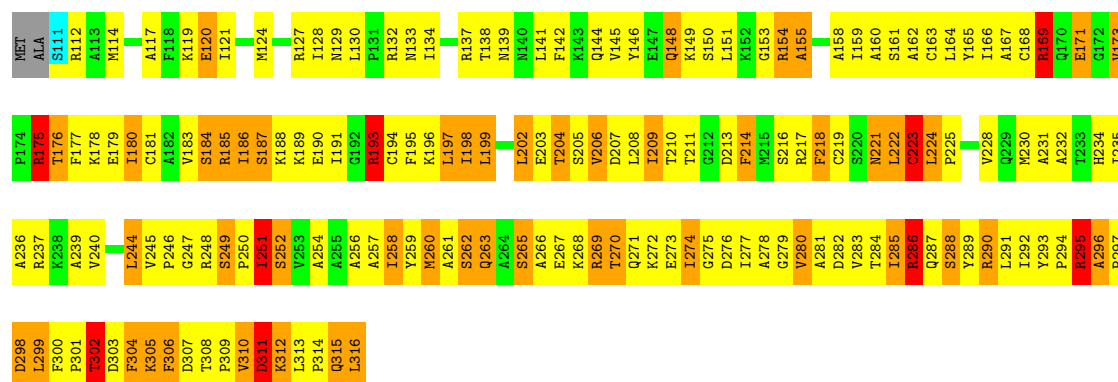
Chain A:  15% 58% 20% 5%



4.2.16 Score per residue for model 16

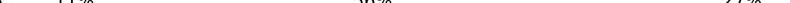
- Molecule 1: TFIIB

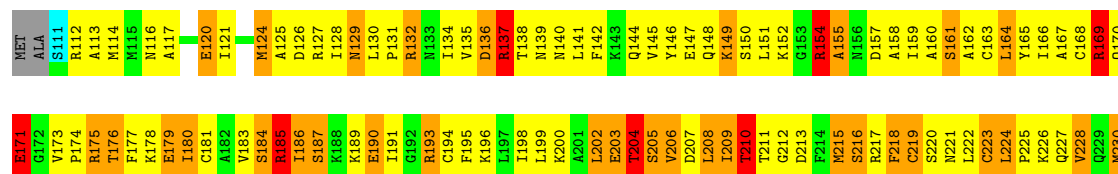
Chain A:  18% 52% 24% 6%

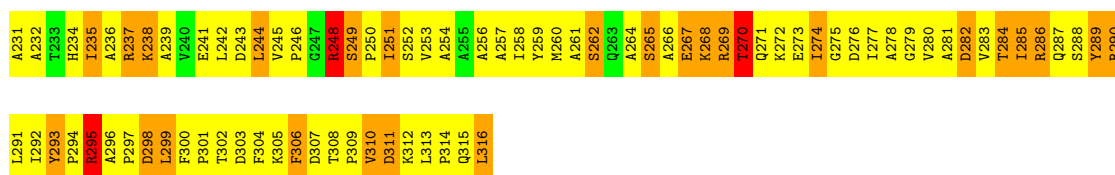


4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: TFIIB

Chain A:  11% 56% 27% 5%

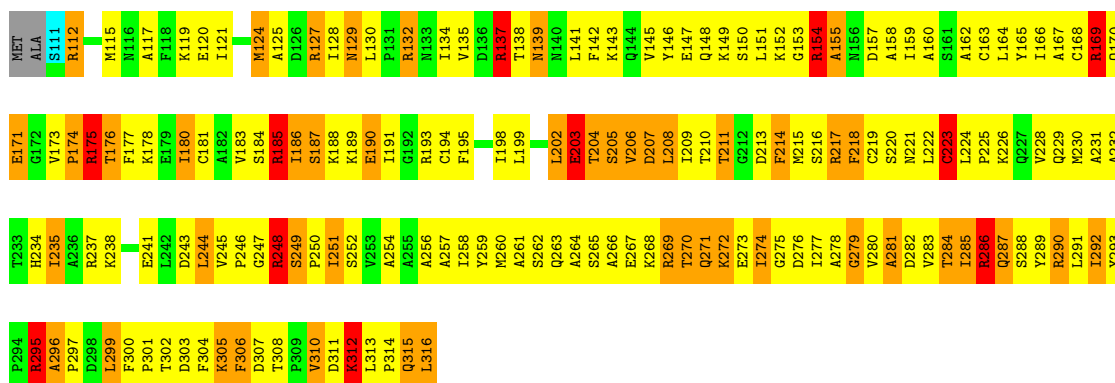




4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: TFIIB

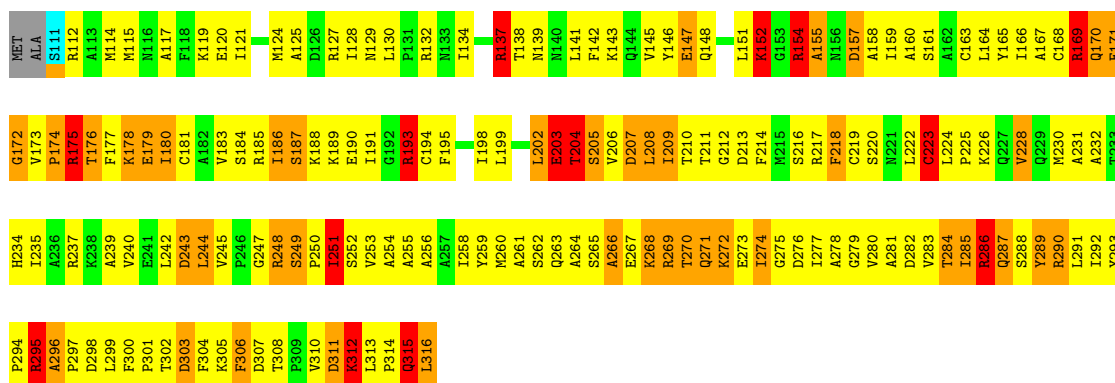
Chain A: 16% 54% 23% 5%



4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: TFIIB

Chain A: 16% 56% 20% 7%



4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: TFIIB

Chain A: 20% 48% 23% 8%

F300	K238	V173	MT
P301	A239	P174	ALA
D303	L242	T176	S111
F304	D243	F177	R112
K305	L244	K178	A113
P306	V245	E179	H114
D307	P246	I180	A117
V310	G247	C181	F118
D311	R248	A182	K119
K312	S249	V183	E120
L313	P250	S184	I121
P314	I251	R185	M124
Q315	S252	I186	A125
L316		S187	A126
	A255	E189	R127
	A256	I191	I128
	A257	G192	M129
	I258	R193	L130
	M260	C194	P131
	A261	F195	R132
	S262		N133
	Q263	I188	I134
	A264	L189	M135
	S265	K200	D136
	A266	A201	R137
	E267	L202	T138
	K268	E203	N139
	R269	T204	H140
	T270	S205	L141
	Q271	V206	F142
	K272	D207	
	E273	L208	V145
	L274	I209	Y146
	G275	T210	
	D276	T211	K149
	L277	G212	S150
	R278	D213	L151
	G279	F214	K152
	V280		G153
	G281		R154
	A281	R218	A155
	S282	C219	M156
	T284		D157
	L285	L222	A158
	R286	C223	I159
	Q287	L224	A160
	S288	P225	S161
	Y289		A162
	R290	V228	C163
	L291	G229	L164
	T292	M230	V165
	Y293	A231	T166
	P294	A232	A167
	R295	T233	C168
	P296	R234	R169
	Q297	T235	Q170
	T298	A236	S171
	D299	C237	G172

5 Refinement protocol and experimental data overview

Of the ? calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: ?.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR	refinement	3.1

No chemical shift data was provided.

6 Model quality

6.1 Standard geometry

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	#Z>5	RMSZ	#Z>5
1	A	1.40±0.00	0±0/1625 (0.0± 0.0%)	1.26±0.01	0±0/2190 (0.0± 0.0%)
All	All	1.40	0/32500 (0.0%)	1.26	1/43800 (0.0%)

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

Mol	Chain	Chirality	Planarity
1	A	0.0±0.0	15.6±0.6
All	All	0	312

There are no bond-length outliers.

All unique angle outliers are listed below.

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	195	PHE	CA-CB-CG	-5.35	108.45	113.80	13	1

There are no chirality outliers.

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

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	112	ARG	Sidechain	20
1	A	127	ARG	Sidechain	20
1	A	132	ARG	Sidechain	20
1	A	169	ARG	Sidechain	20
1	A	175	ARG	Sidechain	20
1	A	185	ARG	Sidechain	20
1	A	193	ARG	Sidechain	20
1	A	217	ARG	Sidechain	20

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	248	ARG	Sidechain	20
1	A	290	ARG	Sidechain	20
1	A	137	ARG	Sidechain	19
1	A	154	ARG	Sidechain	19
1	A	237	ARG	Sidechain	19
1	A	269	ARG	Sidechain	19
1	A	295	ARG	Sidechain	18
1	A	286	ARG	Sidechain	18

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	1601	1662	1662	338±13
All	All	32020	33240	33240	6764

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 104.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:173:VAL:HG21	1:A:180:ILE:HG22	1.08	1.19	3	4
1:A:173:VAL:HG11	1:A:180:ILE:HG22	1.07	1.25	15	3
1:A:310:VAL:HG11	1:A:313:LEU:HD12	1.06	1.16	9	2
1:A:245:VAL:HG12	1:A:292:ILE:HD13	1.06	1.28	14	1
1:A:125:ALA:HB1	1:A:130:LEU:HD11	1.05	1.07	5	1
1:A:239:ALA:HB1	1:A:292:ILE:HD11	1.03	1.11	9	9
1:A:310:VAL:CG1	1:A:313:LEU:HD22	1.02	1.84	15	1
1:A:310:VAL:HG21	1:A:313:LEU:HD23	1.02	1.26	5	1
1:A:310:VAL:HG21	1:A:313:LEU:CD1	1.01	1.86	11	4
1:A:263:GLN:CG	1:A:313:LEU:HD21	1.00	1.87	16	4
1:A:177:PHE:CE1	1:A:180:ILE:HD11	0.99	1.93	5	6
1:A:173:VAL:HG11	1:A:180:ILE:CG2	0.99	1.86	19	3
1:A:130:LEU:HD23	1:A:134:ILE:HG21	0.99	1.34	9	4
1:A:166:ILE:HD12	1:A:199:LEU:HD11	0.99	1.34	12	1
1:A:289:TYR:CD2	1:A:316:LEU:HD12	0.98	1.92	2	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:260:MET:HE1	1:A:313:LEU:CD1	0.98	1.88	13	2
1:A:245:VAL:HG11	1:A:288:SER:O	0.98	1.59	1	11
1:A:244:LEU:HD11	1:A:293:TYR:N	0.98	1.72	20	5
1:A:245:VAL:HG22	1:A:292:ILE:CG2	0.98	1.87	12	1
1:A:260:MET:CE	1:A:313:LEU:HD11	0.98	1.87	14	1
1:A:260:MET:HE1	1:A:313:LEU:HD11	0.97	1.01	14	1
1:A:244:LEU:HD22	1:A:292:ILE:C	0.97	1.84	8	5
1:A:130:LEU:HD13	1:A:134:ILE:HG21	0.97	1.36	12	7
1:A:228:VAL:HG22	1:A:265:SER:OG	0.97	1.60	4	11
1:A:231:ALA:HB1	1:A:304:PHE:CE2	0.97	1.94	8	19
1:A:310:VAL:HG21	1:A:313:LEU:CD2	0.97	1.90	5	5
1:A:310:VAL:HG13	1:A:313:LEU:CD2	0.96	1.90	15	1
1:A:177:PHE:CE2	1:A:180:ILE:HD11	0.96	1.95	13	14
1:A:310:VAL:CG2	1:A:313:LEU:HD22	0.96	1.91	4	1
1:A:310:VAL:HG11	1:A:313:LEU:CD1	0.96	1.90	9	5
1:A:266:ALA:HB2	1:A:307:ASP:CB	0.95	1.90	12	8
1:A:228:VAL:HG22	1:A:265:SER:HB3	0.95	1.39	7	14
1:A:245:VAL:HG23	1:A:287:GLN:OE1	0.95	1.61	13	1
1:A:244:LEU:HD11	1:A:292:ILE:C	0.95	1.85	9	5
1:A:141:LEU:O	1:A:145:VAL:HG22	0.94	1.62	2	17
1:A:194:CYS:O	1:A:198:ILE:HD12	0.94	1.62	16	11
1:A:260:MET:SD	1:A:313:LEU:HD23	0.94	2.01	7	2
1:A:292:ILE:O	1:A:299:LEU:HD21	0.94	1.62	7	6
1:A:245:VAL:CG1	1:A:292:ILE:HD13	0.94	1.93	14	1
1:A:197:LEU:O	1:A:197:LEU:HD22	0.94	1.62	16	2
1:A:306:PHE:CE1	1:A:310:VAL:HG23	0.93	1.99	6	8
1:A:235:ILE:CG2	1:A:260:MET:HE1	0.93	1.94	11	1
1:A:296:ALA:HB1	1:A:297:PRO:HD2	0.93	1.41	20	16
1:A:151:LEU:HD21	1:A:194:CYS:SG	0.93	2.04	18	4
1:A:260:MET:HE1	1:A:313:LEU:HD13	0.93	1.40	13	1
1:A:151:LEU:HD13	1:A:159:ILE:HD13	0.93	1.39	20	1
1:A:310:VAL:HG13	1:A:313:LEU:HD22	0.92	0.95	15	1
1:A:141:LEU:O	1:A:145:VAL:HG12	0.92	1.64	3	3
1:A:310:VAL:HG11	1:A:313:LEU:HD21	0.91	1.40	19	7
1:A:228:VAL:HG22	1:A:265:SER:CB	0.91	1.96	9	20
1:A:121:ILE:HG23	1:A:138:THR:CG2	0.91	1.96	1	20
1:A:270:THR:O	1:A:274:ILE:HG22	0.90	1.66	3	20
1:A:176:THR:HG21	1:A:315:GLN:O	0.90	1.65	19	13
1:A:195:PHE:CE2	1:A:199:LEU:HD21	0.90	2.02	8	3
1:A:134:ILE:HD11	1:A:171:GLU:CB	0.90	1.97	9	3
1:A:120:GLU:O	1:A:124:MET:HE3	0.89	1.66	19	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:299:LEU:N	1:A:299:LEU:HD13	0.89	1.83	5	4
1:A:151:LEU:HD22	1:A:159:ILE:HG12	0.88	1.43	10	6
1:A:207:ASP:O	1:A:208:LEU:HD22	0.88	1.67	11	1
1:A:266:ALA:HB2	1:A:307:ASP:CG	0.88	1.92	12	1
1:A:208:LEU:C	1:A:209:ILE:HD12	0.88	1.93	2	10
1:A:128:ILE:HG22	1:A:130:LEU:HD21	0.88	1.43	8	3
1:A:195:PHE:CE1	1:A:199:LEU:HD21	0.88	2.05	19	6
1:A:168:CYS:HB3	1:A:173:VAL:HG12	0.87	1.46	19	8
1:A:150:SER:C	1:A:151:LEU:HD22	0.87	1.94	6	2
1:A:124:MET:O	1:A:183:VAL:HG21	0.87	1.69	1	5
1:A:263:GLN:HG3	1:A:313:LEU:HD21	0.87	1.47	16	5
1:A:239:ALA:CB	1:A:292:ILE:HD11	0.87	2.00	19	8
1:A:231:ALA:HB1	1:A:304:PHE:CZ	0.87	2.04	12	20
1:A:310:VAL:HA	1:A:313:LEU:HD13	0.86	1.46	15	1
1:A:180:ILE:O	1:A:183:VAL:HG12	0.86	1.69	9	20
1:A:228:VAL:HG13	1:A:265:SER:HB2	0.86	1.45	10	8
1:A:244:LEU:O	1:A:291:LEU:HD12	0.86	1.70	10	2
1:A:151:LEU:HD13	1:A:159:ILE:CD1	0.86	2.01	20	1
1:A:310:VAL:HG11	1:A:313:LEU:CD2	0.86	2.01	12	6
1:A:244:LEU:HB2	1:A:292:ILE:HG22	0.86	1.45	10	1
1:A:285:ILE:HG22	1:A:316:LEU:CD2	0.86	2.01	15	1
1:A:263:GLN:CD	1:A:313:LEU:HD13	0.86	1.96	5	1
1:A:204:THR:HG21	1:A:282:ASP:HB2	0.86	1.48	13	1
1:A:210:THR:O	1:A:251:ILE:HD13	0.85	1.71	3	4
1:A:310:VAL:HG11	1:A:313:LEU:HD13	0.85	1.44	7	4
1:A:134:ILE:HD11	1:A:171:GLU:HB2	0.85	1.48	6	3
1:A:134:ILE:HD11	1:A:171:GLU:CG	0.85	2.02	11	2
1:A:228:VAL:HG13	1:A:265:SER:CB	0.85	2.01	10	6
1:A:141:LEU:HD11	1:A:163:CYS:SG	0.85	2.12	4	1
1:A:310:VAL:CG2	1:A:313:LEU:HD23	0.85	2.00	5	2
1:A:150:SER:O	1:A:151:LEU:HD22	0.85	1.70	7	2
1:A:289:TYR:CD1	1:A:316:LEU:HD12	0.85	2.07	18	3
1:A:125:ALA:HB3	1:A:135:VAL:HG22	0.85	1.49	15	8
1:A:280:VAL:HG11	1:A:284:THR:HG21	0.85	1.46	12	14
1:A:176:THR:OG1	1:A:316:LEU:HD23	0.85	1.72	11	3
1:A:124:MET:HE3	1:A:125:ALA:HB2	0.84	1.46	4	1
1:A:316:LEU:HD23	1:A:316:LEU:OXT	0.84	1.72	15	1
1:A:228:VAL:HG12	1:A:261:ALA:HB1	0.84	1.49	20	4
1:A:244:LEU:HG	1:A:292:ILE:HD12	0.84	1.48	14	1
1:A:130:LEU:HD22	1:A:134:ILE:HG21	0.84	1.47	5	1
1:A:134:ILE:HD11	1:A:171:GLU:O	0.84	1.73	19	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:195:PHE:CE1	1:A:199:LEU:HD11	0.84	2.06	5	4
1:A:195:PHE:CZ	1:A:199:LEU:HD11	0.84	2.07	3	4
1:A:128:ILE:HG22	1:A:130:LEU:HD23	0.84	1.50	17	3
1:A:195:PHE:CZ	1:A:199:LEU:HD21	0.84	2.07	12	3
1:A:245:VAL:HG11	1:A:292:ILE:CD1	0.83	2.02	6	1
1:A:224:LEU:HD13	1:A:225:PRO:HD2	0.83	1.47	7	2
1:A:292:ILE:HD13	1:A:292:ILE:O	0.83	1.73	8	2
1:A:259:TYR:CE2	1:A:274:ILE:HG21	0.83	2.08	19	4
1:A:127:ARG:HB3	1:A:183:VAL:HG23	0.83	1.49	3	6
1:A:228:VAL:HG22	1:A:265:SER:HB2	0.83	1.48	19	5
1:A:130:LEU:HD22	1:A:134:ILE:CG2	0.83	2.03	5	1
1:A:130:LEU:HD11	1:A:172:GLY:O	0.83	1.74	1	1
1:A:130:LEU:CD1	1:A:134:ILE:HG21	0.83	2.04	6	3
1:A:218:PHE:O	1:A:277:ILE:HG21	0.83	1.73	18	14
1:A:235:ILE:HD11	1:A:304:PHE:CD2	0.83	2.08	3	5
1:A:263:GLN:OE1	1:A:313:LEU:HD13	0.83	1.73	8	1
1:A:121:ILE:HD13	1:A:139:ASN:HA	0.82	1.49	10	20
1:A:228:VAL:HG21	1:A:267:GLU:CB	0.82	2.04	3	12
1:A:204:THR:HG21	1:A:282:ASP:CB	0.82	2.04	13	4
1:A:310:VAL:HG21	1:A:313:LEU:HD13	0.82	1.49	11	2
1:A:263:GLN:NE2	1:A:313:LEU:HD21	0.82	1.90	1	1
1:A:310:VAL:HG21	1:A:313:LEU:HD12	0.82	1.51	7	3
1:A:166:ILE:HG21	1:A:202:LEU:HD11	0.82	1.49	1	6
1:A:166:ILE:CD1	1:A:199:LEU:HD11	0.82	2.04	12	1
1:A:244:LEU:HD22	1:A:291:LEU:O	0.82	1.75	13	5
1:A:208:LEU:C	1:A:209:ILE:HD13	0.82	1.99	10	1
1:A:151:LEU:HD22	1:A:159:ILE:CG1	0.81	2.05	10	5
1:A:113:ALA:HB3	1:A:146:TYR:OH	0.81	1.75	10	8
1:A:121:ILE:HG21	1:A:139:ASN:HB3	0.81	1.53	4	3
1:A:224:LEU:HD21	1:A:228:VAL:HB	0.81	1.50	20	2
1:A:308:THR:CG2	1:A:310:VAL:HG13	0.81	2.04	12	2
1:A:260:MET:HE3	1:A:300:PHE:CZ	0.81	2.11	20	1
1:A:202:LEU:HD12	1:A:202:LEU:O	0.81	1.75	3	10
1:A:151:LEU:HD11	1:A:194:CYS:SG	0.81	2.16	11	4
1:A:297:PRO:O	1:A:299:LEU:HD22	0.81	1.74	15	1
1:A:121:ILE:HG23	1:A:138:THR:HG22	0.80	1.51	16	20
1:A:249:SER:HB2	1:A:251:ILE:HD12	0.80	1.53	9	3
1:A:213:ASP:CG	1:A:280:VAL:HG22	0.80	2.01	7	4
1:A:162:ALA:HB1	1:A:195:PHE:CD1	0.80	2.12	5	1
1:A:235:ILE:HG21	1:A:289:TYR:OH	0.80	1.74	8	8
1:A:157:ASP:CB	1:A:186:ILE:HD12	0.80	2.06	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:239:ALA:HB1	1:A:292:ILE:HG12	0.80	1.51	14	1
1:A:285:ILE:HG22	1:A:316:LEU:CD1	0.80	2.06	4	1
1:A:310:VAL:HG21	1:A:313:LEU:HD22	0.80	1.50	4	2
1:A:219:CYS:SG	1:A:278:ALA:HB2	0.80	2.17	18	2
1:A:235:ILE:HD11	1:A:260:MET:HE2	0.80	1.52	10	1
1:A:213:ASP:OD2	1:A:251:ILE:HG22	0.80	1.77	15	2
1:A:235:ILE:HD11	1:A:304:PHE:CE2	0.79	2.12	3	8
1:A:245:VAL:CG2	1:A:292:ILE:HD11	0.79	2.07	17	2
1:A:264:ALA:HB1	1:A:306:PHE:HB3	0.79	1.51	9	3
1:A:259:TYR:CD1	1:A:274:ILE:HG21	0.79	2.12	14	8
1:A:210:THR:HA	1:A:280:VAL:HG13	0.79	1.50	1	8
1:A:244:LEU:HD13	1:A:292:ILE:O	0.79	1.76	8	5
1:A:224:LEU:HD12	1:A:269:ARG:HG2	0.79	1.53	20	1
1:A:264:ALA:HB1	1:A:306:PHE:CE1	0.79	2.12	11	13
1:A:245:VAL:HG23	1:A:288:SER:O	0.79	1.77	20	2
1:A:145:VAL:HG21	1:A:198:ILE:HG12	0.79	1.52	5	16
1:A:166:ILE:CD1	1:A:199:LEU:HD21	0.79	2.08	6	3
1:A:239:ALA:HB2	1:A:299:LEU:HD23	0.79	1.55	17	1
1:A:298:ASP:C	1:A:299:LEU:HD13	0.78	2.02	20	2
1:A:245:VAL:HG23	1:A:291:LEU:HG	0.78	1.55	18	8
1:A:235:ILE:HD13	1:A:260:MET:SD	0.78	2.16	12	2
1:A:195:PHE:O	1:A:199:LEU:HD23	0.78	1.78	8	14
1:A:224:LEU:HD13	1:A:269:ARG:HG2	0.78	1.56	11	2
1:A:222:LEU:HD23	1:A:222:LEU:N	0.78	1.93	13	2
1:A:245:VAL:HG21	1:A:288:SER:O	0.78	1.77	9	8
1:A:222:LEU:HD22	1:A:273:GLU:HG2	0.78	1.54	2	2
1:A:128:ILE:CG2	1:A:130:LEU:HD21	0.78	2.09	8	1
1:A:235:ILE:HG22	1:A:260:MET:HE1	0.78	1.55	11	1
1:A:230:MET:O	1:A:233:THR:HG22	0.78	1.79	20	1
1:A:228:VAL:HG12	1:A:261:ALA:CB	0.78	2.08	20	8
1:A:291:LEU:HD23	1:A:291:LEU:N	0.78	1.94	4	14
1:A:155:ALA:HB2	1:A:190:GLU:OE1	0.78	1.79	9	3
1:A:263:GLN:CD	1:A:313:LEU:HD22	0.78	2.04	8	3
1:A:206:VAL:HG13	1:A:207:ASP:N	0.78	1.95	4	5
1:A:245:VAL:HG11	1:A:292:ILE:HD12	0.78	1.55	6	2
1:A:125:ALA:CB	1:A:130:LEU:HD11	0.77	2.00	5	1
1:A:256:ALA:HA	1:A:285:ILE:HG23	0.77	1.56	6	20
1:A:292:ILE:HG22	1:A:299:LEU:HD11	0.77	1.54	13	1
1:A:232:ALA:HA	1:A:235:ILE:HD12	0.77	1.54	5	5
1:A:239:ALA:HB1	1:A:292:ILE:HD13	0.77	1.53	13	2
1:A:137:ARG:O	1:A:141:LEU:HD12	0.77	1.79	1	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:224:LEU:HD12	1:A:269:ARG:NE	0.77	1.94	12	1
1:A:204:THR:HG21	1:A:282:ASP:HB3	0.77	1.54	19	3
1:A:313:LEU:C	1:A:313:LEU:HD23	0.77	2.05	15	1
1:A:316:LEU:OXT	1:A:316:LEU:HD13	0.77	1.80	4	1
1:A:137:ARG:HB3	1:A:167:ALA:HB2	0.77	1.57	14	11
1:A:308:THR:HG22	1:A:310:VAL:HG13	0.77	1.53	12	6
1:A:310:VAL:HG21	1:A:313:LEU:HD21	0.76	1.57	10	4
1:A:260:MET:HE3	1:A:316:LEU:HD12	0.76	1.57	17	1
1:A:207:ASP:C	1:A:208:LEU:HD12	0.76	2.05	3	2
1:A:151:LEU:HD13	1:A:159:ILE:HG23	0.76	1.56	17	2
1:A:256:ALA:O	1:A:316:LEU:HD11	0.76	1.81	7	2
1:A:296:ALA:HB1	1:A:297:PRO:CD	0.76	2.10	12	12
1:A:244:LEU:HD21	1:A:292:ILE:O	0.76	1.81	6	3
1:A:173:VAL:HG21	1:A:180:ILE:CG2	0.76	2.08	3	4
1:A:206:VAL:O	1:A:208:LEU:HD12	0.76	1.81	13	1
1:A:218:PHE:CD1	1:A:277:ILE:HG22	0.76	2.16	12	5
1:A:245:VAL:HG23	1:A:291:LEU:CD2	0.75	2.11	16	8
1:A:235:ILE:CD1	1:A:260:MET:HE2	0.75	2.10	10	1
1:A:254:ALA:O	1:A:258:ILE:HD12	0.75	1.81	9	4
1:A:151:LEU:HB3	1:A:159:ILE:HD11	0.75	1.57	19	3
1:A:285:ILE:HG22	1:A:316:LEU:HD12	0.75	1.56	4	1
1:A:199:LEU:HD23	1:A:199:LEU:N	0.75	1.96	16	1
1:A:245:VAL:HG23	1:A:291:LEU:CG	0.75	2.12	16	8
1:A:231:ALA:HB1	1:A:304:PHE:CD2	0.74	2.17	8	17
1:A:289:TYR:HB2	1:A:316:LEU:HD12	0.74	1.58	10	3
1:A:222:LEU:HD23	1:A:222:LEU:O	0.74	1.81	12	2
1:A:252:SER:CB	1:A:284:THR:HG21	0.74	2.11	20	2
1:A:244:LEU:CB	1:A:292:ILE:HG22	0.74	2.12	10	1
1:A:244:LEU:HD22	1:A:292:ILE:HA	0.74	1.56	4	8
1:A:244:LEU:HD21	1:A:292:ILE:C	0.74	2.06	11	4
1:A:176:THR:OG1	1:A:316:LEU:HD13	0.74	1.81	12	2
1:A:250:PRO:O	1:A:251:ILE:HD12	0.74	1.83	20	7
1:A:260:MET:HE3	1:A:260:MET:O	0.74	1.82	13	4
1:A:213:ASP:HB2	1:A:280:VAL:HG13	0.74	1.59	6	1
1:A:176:THR:OG1	1:A:316:LEU:HD22	0.74	1.83	16	2
1:A:293:TYR:HB3	1:A:299:LEU:HD11	0.74	1.58	11	1
1:A:197:LEU:HD13	1:A:198:ILE:N	0.74	1.98	16	2
1:A:244:LEU:CB	1:A:292:ILE:HG23	0.74	2.12	17	1
1:A:245:VAL:HG23	1:A:245:VAL:O	0.73	1.83	4	4
1:A:208:LEU:O	1:A:209:ILE:HD13	0.73	1.81	10	1
1:A:245:VAL:HG22	1:A:292:ILE:CG1	0.73	2.13	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:228:VAL:HG13	1:A:265:SER:OG	0.73	1.81	5	3
1:A:197:LEU:HD13	1:A:197:LEU:C	0.73	2.08	16	2
1:A:269:ARG:O	1:A:270:THR:HG23	0.73	1.84	15	12
1:A:232:ALA:HB2	1:A:261:ALA:HB3	0.73	1.58	14	3
1:A:244:LEU:HB3	1:A:292:ILE:HG23	0.73	1.60	17	1
1:A:228:VAL:HG21	1:A:267:GLU:HB3	0.73	1.58	18	8
1:A:289:TYR:CB	1:A:316:LEU:HD12	0.73	2.14	10	1
1:A:141:LEU:HD13	1:A:166:ILE:HD12	0.73	1.59	2	1
1:A:235:ILE:HG21	1:A:260:MET:SD	0.73	2.23	12	2
1:A:245:VAL:HG22	1:A:292:ILE:HG21	0.73	1.61	12	1
1:A:263:GLN:NE2	1:A:313:LEU:HD11	0.72	1.97	9	1
1:A:198:ILE:O	1:A:202:LEU:HD21	0.72	1.82	12	3
1:A:129:ASN:O	1:A:130:LEU:HD12	0.72	1.84	10	4
1:A:310:VAL:HB	1:A:313:LEU:HD23	0.72	1.60	14	1
1:A:186:ILE:C	1:A:186:ILE:HD13	0.72	2.09	1	19
1:A:236:ALA:O	1:A:240:VAL:HG12	0.72	1.85	16	1
1:A:165:TYR:CD1	1:A:180:ILE:HG21	0.72	2.19	3	7
1:A:197:LEU:HD22	1:A:197:LEU:C	0.72	2.07	13	2
1:A:257:ALA:O	1:A:261:ALA:HB2	0.72	1.83	17	1
1:A:130:LEU:HD23	1:A:134:ILE:CG2	0.72	2.15	9	3
1:A:264:ALA:HB2	1:A:313:LEU:HD22	0.72	1.59	11	1
1:A:222:LEU:HD22	1:A:269:ARG:NH1	0.72	1.99	14	1
1:A:259:TYR:CZ	1:A:274:ILE:HG21	0.72	2.20	11	4
1:A:151:LEU:HD12	1:A:159:ILE:CG1	0.72	2.15	11	4
1:A:260:MET:HE3	1:A:297:PRO:HB3	0.72	1.62	2	3
1:A:235:ILE:HG23	1:A:300:PHE:CD2	0.72	2.19	6	1
1:A:310:VAL:HG13	1:A:310:VAL:O	0.72	1.84	17	1
1:A:125:ALA:CB	1:A:135:VAL:HG22	0.72	2.15	15	8
1:A:138:THR:CG2	1:A:164:LEU:HD22	0.72	2.15	17	18
1:A:228:VAL:HG11	1:A:262:SER:HA	0.72	1.61	14	6
1:A:168:CYS:HB2	1:A:173:VAL:HG22	0.72	1.61	10	1
1:A:256:ALA:HB2	1:A:285:ILE:HA	0.72	1.61	2	17
1:A:176:THR:HG23	1:A:177:PHE:N	0.71	1.98	6	19
1:A:186:ILE:HG23	1:A:186:ILE:O	0.71	1.84	1	19
1:A:161:SER:CB	1:A:191:ILE:HD13	0.71	2.15	6	14
1:A:150:SER:O	1:A:151:LEU:HD23	0.71	1.85	5	1
1:A:145:VAL:HG22	1:A:145:VAL:O	0.71	1.85	1	3
1:A:222:LEU:HD13	1:A:273:GLU:HG3	0.71	1.62	9	2
1:A:292:ILE:HG23	1:A:292:ILE:O	0.71	1.85	5	5
1:A:285:ILE:HG22	1:A:316:LEU:HD21	0.71	1.62	15	3
1:A:245:VAL:HG21	1:A:288:SER:HA	0.71	1.60	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:245:VAL:HG13	1:A:245:VAL:O	0.71	1.84	14	9
1:A:206:VAL:HG23	1:A:282:ASP:OD2	0.71	1.84	15	1
1:A:266:ALA:HB2	1:A:307:ASP:HB3	0.71	1.61	18	5
1:A:292:ILE:HG12	1:A:299:LEU:HD21	0.71	1.60	11	1
1:A:130:LEU:HD13	1:A:134:ILE:HG13	0.71	1.60	1	3
1:A:166:ILE:HD11	1:A:199:LEU:HD22	0.70	1.60	18	3
1:A:263:GLN:HG2	1:A:313:LEU:HD21	0.70	1.62	16	1
1:A:213:ASP:OD2	1:A:255:ALA:HB2	0.70	1.85	2	4
1:A:168:CYS:HB3	1:A:173:VAL:HG11	0.70	1.63	6	1
1:A:124:MET:HE3	1:A:125:ALA:CB	0.70	2.16	4	1
1:A:166:ILE:HD11	1:A:199:LEU:HD21	0.70	1.59	6	2
1:A:228:VAL:HG13	1:A:265:SER:HB3	0.70	1.63	14	4
1:A:244:LEU:HD11	1:A:292:ILE:O	0.70	1.86	6	1
1:A:130:LEU:HD22	1:A:134:ILE:HG13	0.70	1.63	7	3
1:A:127:ARG:CB	1:A:183:VAL:HG23	0.70	2.16	1	3
1:A:161:SER:OG	1:A:191:ILE:HD13	0.70	1.87	17	6
1:A:313:LEU:O	1:A:313:LEU:HD12	0.70	1.87	14	2
1:A:176:THR:HG22	1:A:263:GLN:OE1	0.70	1.87	20	2
1:A:209:ILE:HD13	1:A:279:GLY:O	0.70	1.87	8	3
1:A:213:ASP:OD1	1:A:278:ALA:HB1	0.70	1.86	12	3
1:A:224:LEU:HD23	1:A:228:VAL:HG21	0.70	1.64	17	1
1:A:173:VAL:HG23	1:A:259:TYR:OH	0.70	1.86	9	1
1:A:213:ASP:HB3	1:A:280:VAL:HG22	0.70	1.63	18	1
1:A:235:ILE:HB	1:A:257:ALA:HB1	0.69	1.64	15	4
1:A:155:ALA:HB1	1:A:158:ALA:HB3	0.69	1.63	1	12
1:A:222:LEU:HD12	1:A:273:GLU:HG3	0.69	1.62	7	1
1:A:252:SER:CA	1:A:284:THR:HG23	0.69	2.17	2	12
1:A:222:LEU:HD21	1:A:269:ARG:HD2	0.69	1.62	2	1
1:A:169:ARG:NH1	1:A:199:LEU:HD22	0.69	2.02	3	1
1:A:244:LEU:HD22	1:A:292:ILE:O	0.69	1.87	8	3
1:A:130:LEU:HD12	1:A:130:LEU:O	0.69	1.87	5	1
1:A:224:LEU:HD21	1:A:269:ARG:CD	0.69	2.18	19	1
1:A:300:PHE:CE2	1:A:304:PHE:CD2	0.69	2.80	5	3
1:A:130:LEU:HD22	1:A:134:ILE:CB	0.69	2.17	5	1
1:A:162:ALA:HB1	1:A:195:PHE:HD1	0.69	1.46	5	1
1:A:310:VAL:CG1	1:A:313:LEU:HD13	0.69	2.18	7	3
1:A:195:PHE:CE2	1:A:199:LEU:HD11	0.69	2.23	14	2
1:A:300:PHE:CD2	1:A:306:PHE:CE1	0.69	2.81	5	1
1:A:270:THR:C	1:A:274:ILE:HG22	0.69	2.12	6	2
1:A:142:PHE:CZ	1:A:146:TYR:CD1	0.69	2.81	16	18
1:A:166:ILE:HG12	1:A:199:LEU:HD21	0.69	1.64	3	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:141:LEU:HD13	1:A:166:ILE:HB	0.68	1.65	3	6
1:A:207:ASP:HB2	1:A:283:VAL:HG11	0.68	1.65	6	2
1:A:145:VAL:HG23	1:A:148:GLN:CD	0.68	2.13	19	3
1:A:221:ASN:OD1	1:A:222:LEU:HD23	0.68	1.86	3	1
1:A:300:PHE:CZ	1:A:304:PHE:CD2	0.68	2.81	4	1
1:A:145:VAL:HG23	1:A:148:GLN:NE2	0.68	2.02	1	1
1:A:209:ILE:HG21	1:A:279:GLY:O	0.68	1.89	19	11
1:A:165:TYR:CD2	1:A:195:PHE:CZ	0.68	2.81	20	6
1:A:259:TYR:HB3	1:A:316:LEU:HD21	0.68	1.63	6	4
1:A:299:LEU:N	1:A:299:LEU:HD22	0.68	2.02	13	2
1:A:176:THR:HG21	1:A:316:LEU:O	0.68	1.88	13	2
1:A:235:ILE:HG23	1:A:289:TYR:OH	0.68	1.89	19	2
1:A:206:VAL:HG11	1:A:282:ASP:N	0.68	2.03	4	5
1:A:144:GLN:HG3	1:A:145:VAL:HG13	0.68	1.65	7	1
1:A:245:VAL:HG22	1:A:245:VAL:O	0.67	1.87	6	2
1:A:244:LEU:HD13	1:A:292:ILE:C	0.67	2.13	7	2
1:A:117:ALA:HB3	1:A:142:PHE:CE2	0.67	2.25	9	3
1:A:245:VAL:HG23	1:A:291:LEU:HD21	0.67	1.65	3	5
1:A:141:LEU:HD11	1:A:163:CYS:CB	0.67	2.19	4	1
1:A:260:MET:HE3	1:A:261:ALA:HA	0.67	1.66	10	1
1:A:224:LEU:HD21	1:A:267:GLU:HB3	0.67	1.67	17	1
1:A:195:PHE:O	1:A:199:LEU:HD12	0.67	1.89	3	2
1:A:130:LEU:CD2	1:A:134:ILE:HG21	0.67	2.19	5	2
1:A:213:ASP:CG	1:A:280:VAL:HG21	0.67	2.15	14	3
1:A:245:VAL:HG23	1:A:287:GLN:CD	0.67	2.14	13	1
1:A:213:ASP:OD2	1:A:280:VAL:HG21	0.66	1.89	9	3
1:A:176:THR:HG22	1:A:263:GLN:HE22	0.66	1.49	18	1
1:A:231:ALA:CB	1:A:304:PHE:CZ	0.66	2.79	5	20
1:A:299:LEU:N	1:A:299:LEU:CD1	0.66	2.57	5	3
1:A:253:VAL:HG22	1:A:288:SER:OG	0.66	1.90	13	1
1:A:224:LEU:HD13	1:A:269:ARG:HG3	0.66	1.65	18	1
1:A:260:MET:HE2	1:A:289:TYR:CE2	0.66	2.25	19	1
1:A:145:VAL:HG12	1:A:148:GLN:NE2	0.66	2.04	16	3
1:A:299:LEU:HD13	1:A:299:LEU:N	0.66	2.05	20	1
1:A:236:ALA:HB2	1:A:257:ALA:HB2	0.66	1.68	1	4
1:A:263:GLN:NE2	1:A:316:LEU:HD23	0.66	2.06	4	1
1:A:168:CYS:HB3	1:A:173:VAL:HG22	0.66	1.68	18	2
1:A:125:ALA:HA	1:A:130:LEU:HD12	0.66	1.67	12	2
1:A:224:LEU:HD13	1:A:269:ARG:HD2	0.66	1.67	1	2
1:A:228:VAL:HG21	1:A:267:GLU:HB2	0.66	1.66	7	8
1:A:264:ALA:CB	1:A:300:PHE:CE2	0.66	2.78	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:154:ARG:O	1:A:155:ALA:HB2	0.66	1.91	2	16
1:A:176:THR:HG22	1:A:263:GLN:NE2	0.66	2.05	18	2
1:A:142:PHE:CE1	1:A:146:TYR:CD1	0.66	2.83	14	10
1:A:166:ILE:HD12	1:A:199:LEU:CD1	0.66	2.19	12	1
1:A:157:ASP:HB3	1:A:186:ILE:HD12	0.66	1.68	5	1
1:A:213:ASP:CB	1:A:280:VAL:HG22	0.66	2.21	18	4
1:A:224:LEU:HD23	1:A:269:ARG:HG2	0.66	1.66	7	1
1:A:260:MET:CA	1:A:316:LEU:HD23	0.66	2.21	12	1
1:A:295:ARG:O	1:A:296:ALA:HB2	0.65	1.91	18	15
1:A:288:SER:O	1:A:292:ILE:HD12	0.65	1.91	2	3
1:A:163:CYS:HA	1:A:166:ILE:HD12	0.65	1.68	4	4
1:A:231:ALA:CB	1:A:304:PHE:CE2	0.65	2.77	11	7
1:A:206:VAL:C	1:A:208:LEU:HD12	0.65	2.16	13	1
1:A:157:ASP:HB2	1:A:186:ILE:HG21	0.65	1.67	8	10
1:A:252:SER:HB3	1:A:284:THR:HG21	0.65	1.67	20	3
1:A:130:LEU:HD13	1:A:168:CYS:SG	0.65	2.32	8	1
1:A:176:THR:HG21	1:A:316:LEU:CB	0.65	2.20	12	2
1:A:244:LEU:HD13	1:A:292:ILE:HG13	0.65	1.67	15	1
1:A:292:ILE:CG2	1:A:299:LEU:HD21	0.65	2.21	2	1
1:A:263:GLN:CG	1:A:313:LEU:HD22	0.65	2.21	19	3
1:A:231:ALA:CB	1:A:304:PHE:CE1	0.65	2.80	10	12
1:A:168:CYS:CB	1:A:173:VAL:HG12	0.65	2.22	5	3
1:A:299:LEU:HD22	1:A:299:LEU:H	0.65	1.52	20	7
1:A:252:SER:HA	1:A:280:VAL:HG11	0.65	1.66	11	4
1:A:306:PHE:CE1	1:A:310:VAL:CG2	0.65	2.80	3	11
1:A:151:LEU:HD21	1:A:194:CYS:CB	0.65	2.22	2	1
1:A:300:PHE:CD2	1:A:304:PHE:CB	0.65	2.80	9	5
1:A:306:PHE:CE1	1:A:310:VAL:HG13	0.65	2.27	17	1
1:A:224:LEU:HD23	1:A:269:ARG:CD	0.65	2.22	2	1
1:A:252:SER:CB	1:A:280:VAL:HG11	0.65	2.21	13	1
1:A:259:TYR:HA	1:A:274:ILE:HD11	0.65	1.69	11	9
1:A:224:LEU:HD21	1:A:269:ARG:NE	0.65	2.07	19	1
1:A:239:ALA:HB1	1:A:292:ILE:CD1	0.65	2.21	19	4
1:A:297:PRO:HG3	1:A:313:LEU:HD12	0.65	1.69	8	3
1:A:308:THR:HG23	1:A:309:PRO:HD2	0.65	1.69	6	7
1:A:306:PHE:CE1	1:A:310:VAL:CG1	0.65	2.80	17	2
1:A:245:VAL:HG12	1:A:291:LEU:HB3	0.65	1.69	15	1
1:A:209:ILE:HD12	1:A:209:ILE:N	0.64	2.07	8	7
1:A:259:TYR:HB3	1:A:316:LEU:HD11	0.64	1.69	19	2
1:A:195:PHE:CZ	1:A:199:LEU:CD2	0.64	2.80	12	6
1:A:222:LEU:HD22	1:A:273:GLU:HG3	0.64	1.67	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:288:SER:O	1:A:292:ILE:HG22	0.64	1.93	15	1
1:A:222:LEU:HD22	1:A:273:GLU:CB	0.64	2.22	1	1
1:A:306:PHE:CZ	1:A:310:VAL:CG2	0.64	2.81	20	2
1:A:260:MET:CB	1:A:289:TYR:CE2	0.64	2.81	17	6
1:A:264:ALA:CB	1:A:300:PHE:CZ	0.64	2.81	5	1
1:A:165:TYR:OH	1:A:316:LEU:HD13	0.64	1.91	6	1
1:A:213:ASP:CB	1:A:280:VAL:HG13	0.64	2.22	6	1
1:A:258:ILE:HG22	1:A:274:ILE:HG13	0.64	1.70	6	3
1:A:134:ILE:HD11	1:A:171:GLU:HG2	0.64	1.69	11	1
1:A:295:ARG:O	1:A:296:ALA:HB3	0.64	1.91	15	1
1:A:207:ASP:HA	1:A:281:ALA:HB2	0.64	1.69	3	4
1:A:168:CYS:HB3	1:A:173:VAL:HG13	0.64	1.67	18	2
1:A:259:TYR:CD2	1:A:316:LEU:CD2	0.64	2.81	8	5
1:A:222:LEU:HD22	1:A:273:GLU:CG	0.64	2.22	2	2
1:A:138:THR:HG21	1:A:164:LEU:HD22	0.64	1.70	17	11
1:A:195:PHE:CE2	1:A:199:LEU:CD1	0.64	2.81	3	2
1:A:249:SER:O	1:A:253:VAL:HG23	0.64	1.93	13	1
1:A:313:LEU:N	1:A:314:PRO:HD3	0.64	2.07	15	3
1:A:280:VAL:O	1:A:281:ALA:HB2	0.64	1.91	18	2
1:A:234:HIS:CE1	1:A:303:ASP:CB	0.64	2.81	8	4
1:A:289:TYR:CD1	1:A:292:ILE:CG2	0.64	2.81	5	2
1:A:195:PHE:CE1	1:A:199:LEU:CD2	0.64	2.81	19	2
1:A:313:LEU:N	1:A:314:PRO:CD	0.64	2.61	15	3
1:A:260:MET:CB	1:A:289:TYR:CE1	0.64	2.81	11	1
1:A:204:THR:HG22	1:A:206:VAL:HG23	0.63	1.70	3	2
1:A:145:VAL:HG12	1:A:148:GLN:HE21	0.63	1.54	9	5
1:A:232:ALA:HB2	1:A:261:ALA:CB	0.63	2.24	17	14
1:A:117:ALA:CB	1:A:142:PHE:CZ	0.63	2.81	12	18
1:A:213:ASP:OD2	1:A:280:VAL:HG22	0.63	1.93	7	2
1:A:127:ARG:HB2	1:A:183:VAL:HG23	0.63	1.69	1	2
1:A:173:VAL:HG13	1:A:173:VAL:O	0.63	1.93	3	8
1:A:232:ALA:HB1	1:A:257:ALA:C	0.63	2.18	1	5
1:A:228:VAL:HG13	1:A:261:ALA:O	0.63	1.94	6	7
1:A:289:TYR:HA	1:A:292:ILE:HG22	0.63	1.68	11	4
1:A:313:LEU:N	1:A:313:LEU:HD23	0.63	2.08	4	1
1:A:300:PHE:CD2	1:A:306:PHE:CZ	0.63	2.87	5	1
1:A:117:ALA:CB	1:A:142:PHE:CE2	0.63	2.82	9	5
1:A:292:ILE:CG1	1:A:293:TYR:CE2	0.63	2.80	12	1
1:A:244:LEU:CG	1:A:292:ILE:HD12	0.63	2.23	14	1
1:A:121:ILE:CG2	1:A:138:THR:HG22	0.63	2.24	1	20
1:A:296:ALA:HB2	1:A:312:LYS:CD	0.63	2.23	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:124:MET:HA	1:A:183:VAL:HG21	0.63	1.70	17	2
1:A:195:PHE:CZ	1:A:199:LEU:CD1	0.63	2.81	14	2
1:A:141:LEU:C	1:A:141:LEU:HD12	0.63	2.18	4	1
1:A:283:VAL:HG22	1:A:287:GLN:NE2	0.63	2.09	16	2
1:A:231:ALA:HB1	1:A:304:PHE:CE1	0.63	2.28	2	19
1:A:300:PHE:CD1	1:A:304:PHE:CB	0.63	2.81	17	5
1:A:221:ASN:HB2	1:A:277:ILE:HD13	0.63	1.71	16	2
1:A:158:ALA:N	1:A:186:ILE:HG21	0.62	2.08	4	15
1:A:128:ILE:HG22	1:A:128:ILE:O	0.62	1.92	18	10
1:A:300:PHE:N	1:A:301:PRO:CD	0.62	2.62	5	2
1:A:195:PHE:O	1:A:199:LEU:HD13	0.62	1.94	12	1
1:A:222:LEU:HD21	1:A:269:ARG:CD	0.62	2.23	2	1
1:A:141:LEU:HD22	1:A:166:ILE:HG13	0.62	1.71	7	1
1:A:176:THR:HG21	1:A:316:LEU:HB2	0.62	1.70	12	2
1:A:145:VAL:HG21	1:A:198:ILE:CD1	0.62	2.24	13	1
1:A:137:ARG:CB	1:A:167:ALA:HB2	0.62	2.25	7	7
1:A:222:LEU:HD11	1:A:269:ARG:CD	0.62	2.24	2	2
1:A:260:MET:HE2	1:A:289:TYR:CE1	0.62	2.29	2	2
1:A:206:VAL:HG11	1:A:282:ASP:H	0.62	1.54	10	5
1:A:251:ILE:N	1:A:251:ILE:HD13	0.62	2.10	10	1
1:A:177:PHE:CD1	1:A:315:GLN:NE2	0.62	2.67	4	2
1:A:289:TYR:CD1	1:A:292:ILE:HD13	0.62	2.29	12	1
1:A:244:LEU:HD22	1:A:292:ILE:CA	0.62	2.24	4	7
1:A:224:LEU:C	1:A:224:LEU:HD13	0.62	2.19	3	3
1:A:313:LEU:HD23	1:A:313:LEU:H	0.62	1.54	4	1
1:A:310:VAL:CB	1:A:313:LEU:HD23	0.62	2.24	14	1
1:A:125:ALA:HB3	1:A:135:VAL:CG2	0.62	2.23	18	7
1:A:312:LYS:C	1:A:314:PRO:HD3	0.62	2.19	11	5
1:A:306:PHE:N	1:A:306:PHE:CD1	0.62	2.66	9	1
1:A:166:ILE:HD11	1:A:199:LEU:CD2	0.62	2.25	16	3
1:A:157:ASP:C	1:A:186:ILE:HG21	0.62	2.20	12	18
1:A:165:TYR:HD1	1:A:180:ILE:HG21	0.62	1.54	12	5
1:A:244:LEU:HD11	1:A:293:TYR:CA	0.62	2.24	20	1
1:A:245:VAL:CG1	1:A:292:ILE:HD12	0.62	2.25	9	2
1:A:252:SER:O	1:A:284:THR:HG21	0.62	1.94	11	2
1:A:244:LEU:HD13	1:A:292:ILE:HA	0.62	1.71	10	2
1:A:259:TYR:CE1	1:A:274:ILE:HG21	0.62	2.29	3	4
1:A:130:LEU:HD12	1:A:130:LEU:C	0.62	2.20	5	1
1:A:128:ILE:HG23	1:A:130:LEU:HG	0.62	1.72	13	1
1:A:260:MET:HE2	1:A:289:TYR:CZ	0.61	2.30	2	1
1:A:264:ALA:HB1	1:A:306:PHE:CD1	0.61	2.30	11	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:224:LEU:HD12	1:A:269:ARG:HE	0.61	1.53	12	1
1:A:138:THR:OG1	1:A:164:LEU:HD23	0.61	1.94	1	1
1:A:144:GLN:OE1	1:A:145:VAL:HG13	0.61	1.95	4	1
1:A:224:LEU:HD13	1:A:269:ARG:CD	0.61	2.25	1	3
1:A:245:VAL:CG2	1:A:291:LEU:HD21	0.61	2.25	3	4
1:A:222:LEU:HD11	1:A:269:ARG:HD2	0.61	1.72	2	1
1:A:157:ASP:HB3	1:A:186:ILE:HG21	0.61	1.72	12	6
1:A:299:LEU:HD12	1:A:299:LEU:H	0.61	1.55	1	5
1:A:242:LEU:HB3	1:A:244:LEU:HD23	0.61	1.71	12	1
1:A:138:THR:HG21	1:A:164:LEU:CD2	0.61	2.25	16	16
1:A:245:VAL:HG12	1:A:291:LEU:HG	0.61	1.71	7	3
1:A:235:ILE:HD11	1:A:304:PHE:HE2	0.61	1.56	12	4
1:A:222:LEU:HD13	1:A:273:GLU:HG2	0.61	1.73	1	1
1:A:257:ALA:HA	1:A:260:MET:HE3	0.61	1.71	11	1
1:A:218:PHE:CD1	1:A:218:PHE:C	0.61	2.78	17	10
1:A:232:ALA:HB1	1:A:257:ALA:O	0.61	1.94	7	7
1:A:234:HIS:CE1	1:A:300:PHE:CG	0.61	2.89	10	1
1:A:263:GLN:HG2	1:A:313:LEU:HD22	0.61	1.71	18	3
1:A:306:PHE:CE1	1:A:310:VAL:HG22	0.61	2.31	20	1
1:A:224:LEU:HD13	1:A:225:PRO:N	0.61	2.11	3	3
1:A:245:VAL:HG11	1:A:287:GLN:O	0.61	1.95	2	1
1:A:163:CYS:SG	1:A:198:ILE:HD13	0.61	2.36	17	1
1:A:137:ARG:C	1:A:141:LEU:HD12	0.60	2.21	1	2
1:A:151:LEU:HD22	1:A:159:ILE:HD11	0.60	1.73	1	2
1:A:239:ALA:HB1	1:A:292:ILE:CG1	0.60	2.23	14	1
1:A:236:ALA:HB2	1:A:257:ALA:CB	0.60	2.26	3	7
1:A:252:SER:C	1:A:284:THR:HG21	0.60	2.21	11	2
1:A:244:LEU:HB2	1:A:292:ILE:HD12	0.60	1.73	15	1
1:A:289:TYR:CD1	1:A:316:LEU:CD1	0.60	2.84	18	1
1:A:195:PHE:CD1	1:A:199:LEU:HD11	0.60	2.32	5	3
1:A:222:LEU:HD12	1:A:273:GLU:OE2	0.60	1.96	12	1
1:A:124:MET:HE2	1:A:164:LEU:CD1	0.60	2.26	4	1
1:A:281:ALA:O	1:A:284:THR:HG22	0.60	1.97	13	2
1:A:245:VAL:HG13	1:A:292:ILE:HG13	0.60	1.72	2	1
1:A:176:THR:HG21	1:A:316:LEU:HA	0.60	1.72	17	1
1:A:292:ILE:O	1:A:292:ILE:HG23	0.60	1.96	18	3
1:A:266:ALA:HB3	1:A:307:ASP:CG	0.60	2.22	19	3
1:A:138:THR:OG1	1:A:164:LEU:HD13	0.60	1.97	2	12
1:A:224:LEU:HD23	1:A:269:ARG:CG	0.60	2.27	2	2
1:A:264:ALA:HB2	1:A:313:LEU:HD11	0.60	1.74	10	2
1:A:278:ALA:O	1:A:280:VAL:HG23	0.60	1.96	18	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:231:ALA:HB1	1:A:304:PHE:CD1	0.60	2.32	17	7
1:A:244:LEU:CB	1:A:292:ILE:HD12	0.60	2.27	15	1
1:A:280:VAL:HG12	1:A:281:ALA:N	0.60	2.12	3	18
1:A:266:ALA:CB	1:A:307:ASP:CB	0.60	2.80	13	10
1:A:166:ILE:CD1	1:A:198:ILE:HG22	0.60	2.27	16	4
1:A:177:PHE:CD1	1:A:180:ILE:HD11	0.59	2.32	19	5
1:A:293:TYR:CD1	1:A:313:LEU:O	0.59	2.55	12	1
1:A:279:GLY:C	1:A:280:VAL:HG23	0.59	2.22	18	1
1:A:206:VAL:HG12	1:A:207:ASP:N	0.59	2.11	15	7
1:A:134:ILE:HG21	1:A:168:CYS:SG	0.59	2.37	14	5
1:A:207:ASP:H	1:A:281:ALA:HB1	0.59	1.56	20	4
1:A:297:PRO:HA	1:A:299:LEU:HD12	0.59	1.72	2	7
1:A:228:VAL:HG22	1:A:265:SER:HG	0.59	1.54	3	2
1:A:125:ALA:CB	1:A:135:VAL:CG2	0.59	2.81	4	10
1:A:256:ALA:CB	1:A:288:SER:CB	0.59	2.81	11	14
1:A:113:ALA:HB1	1:A:156:ASN:ND2	0.59	2.12	4	1
1:A:260:MET:SD	1:A:313:LEU:HD13	0.59	2.38	3	1
1:A:204:THR:HG21	1:A:282:ASP:CG	0.59	2.21	14	3
1:A:206:VAL:C	1:A:208:LEU:HD23	0.59	2.22	6	1
1:A:259:TYR:CD2	1:A:316:LEU:HD22	0.59	2.32	9	3
1:A:142:PHE:CE1	1:A:146:TYR:CG	0.59	2.90	13	7
1:A:166:ILE:CD1	1:A:199:LEU:CD2	0.59	2.80	16	4
1:A:177:PHE:CD1	1:A:177:PHE:C	0.59	2.81	8	11
1:A:264:ALA:CB	1:A:306:PHE:CE1	0.59	2.85	20	8
1:A:219:CYS:SG	1:A:258:ILE:HD13	0.59	2.37	4	3
1:A:213:ASP:HB2	1:A:280:VAL:HG22	0.59	1.74	17	4
1:A:300:PHE:N	1:A:301:PRO:HD2	0.59	2.13	5	1
1:A:159:ILE:HG23	1:A:198:ILE:HD11	0.59	1.75	13	1
1:A:121:ILE:HG12	1:A:160:ALA:HB1	0.59	1.73	1	2
1:A:313:LEU:O	1:A:313:LEU:CG	0.59	2.49	15	5
1:A:160:ALA:O	1:A:164:LEU:HD23	0.59	1.97	3	17
1:A:235:ILE:HG21	1:A:260:MET:HG2	0.59	1.74	6	3
1:A:128:ILE:HG22	1:A:130:LEU:HD13	0.59	1.74	9	3
1:A:310:VAL:CG1	1:A:313:LEU:HD21	0.59	2.23	19	2
1:A:163:CYS:SG	1:A:198:ILE:HG21	0.59	2.38	3	2
1:A:213:ASP:CB	1:A:280:VAL:CG2	0.59	2.81	20	6
1:A:157:ASP:HB2	1:A:186:ILE:HD12	0.59	1.75	5	1
1:A:289:TYR:CD2	1:A:316:LEU:C	0.59	2.80	6	1
1:A:114:MET:CG	1:A:146:TYR:CE2	0.59	2.86	14	3
1:A:260:MET:CE	1:A:316:LEU:HD12	0.59	2.28	17	1
1:A:175:ARG:O	1:A:259:TYR:CE1	0.58	2.56	13	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:209:ILE:HG22	1:A:211:THR:H	0.58	1.58	13	6
1:A:296:ALA:CB	1:A:297:PRO:CD	0.58	2.79	12	11
1:A:166:ILE:CD1	1:A:198:ILE:CG2	0.58	2.81	16	3
1:A:168:CYS:SG	1:A:173:VAL:HG11	0.58	2.38	9	1
1:A:245:VAL:HB	1:A:246:PRO:HD3	0.58	1.74	12	1
1:A:234:HIS:CD2	1:A:303:ASP:CG	0.58	2.81	17	1
1:A:207:ASP:O	1:A:208:LEU:HD12	0.58	1.98	3	3
1:A:283:VAL:O	1:A:287:GLN:CB	0.58	2.51	7	14
1:A:141:LEU:CD2	1:A:202:LEU:CD2	0.58	2.81	19	1
1:A:289:TYR:CD1	1:A:292:ILE:CD1	0.58	2.86	12	1
1:A:218:PHE:CZ	1:A:277:ILE:O	0.58	2.56	20	7
1:A:175:ARG:O	1:A:259:TYR:CZ	0.58	2.56	1	8
1:A:218:PHE:CE2	1:A:277:ILE:O	0.58	2.57	19	4
1:A:300:PHE:CD2	1:A:304:PHE:HB2	0.58	2.34	11	6
1:A:289:TYR:O	1:A:293:TYR:CE2	0.58	2.57	5	2
1:A:300:PHE:CE1	1:A:304:PHE:CD2	0.58	2.92	20	3
1:A:231:ALA:O	1:A:234:HIS:CE1	0.58	2.57	14	2
1:A:293:TYR:CG	1:A:293:TYR:O	0.58	2.57	13	2
1:A:121:ILE:HG21	1:A:139:ASN:OD1	0.58	1.98	12	1
1:A:121:ILE:CG1	1:A:160:ALA:HB1	0.58	2.28	16	4
1:A:297:PRO:O	1:A:300:PHE:CE2	0.58	2.57	16	2
1:A:161:SER:CB	1:A:191:ILE:CD1	0.58	2.81	17	10
1:A:165:TYR:CD2	1:A:195:PHE:CE1	0.58	2.91	20	2
1:A:222:LEU:HD11	1:A:269:ARG:CB	0.58	2.28	2	1
1:A:289:TYR:CE2	1:A:316:LEU:HD12	0.58	2.34	2	1
1:A:310:VAL:CG1	1:A:313:LEU:CD1	0.58	2.81	16	2
1:A:230:MET:O	1:A:234:HIS:CE1	0.58	2.57	7	13
1:A:263:GLN:NE2	1:A:313:LEU:CD2	0.58	2.67	12	2
1:A:284:THR:O	1:A:288:SER:CB	0.58	2.51	6	20
1:A:291:LEU:N	1:A:291:LEU:CD2	0.58	2.65	4	11
1:A:293:TYR:CD1	1:A:293:TYR:O	0.58	2.57	18	2
1:A:306:PHE:CZ	1:A:310:VAL:O	0.58	2.57	6	2
1:A:300:PHE:CD1	1:A:300:PHE:O	0.58	2.57	7	3
1:A:289:TYR:CE2	1:A:293:TYR:OH	0.58	2.56	12	1
1:A:293:TYR:CE2	1:A:314:PRO:O	0.58	2.57	20	1
1:A:176:THR:HG23	1:A:178:LYS:H	0.58	1.59	15	14
1:A:214:PHE:CZ	1:A:251:ILE:CG1	0.58	2.86	13	3
1:A:289:TYR:CD1	1:A:292:ILE:HG22	0.58	2.33	5	1
1:A:292:ILE:O	1:A:292:ILE:HD13	0.58	1.99	5	1
1:A:273:GLU:CD	1:A:277:ILE:HD11	0.58	2.24	15	1
1:A:292:ILE:HG23	1:A:299:LEU:HD21	0.58	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:173:VAL:CG2	1:A:179:GLU:CG	0.58	2.82	15	1
1:A:260:MET:HE2	1:A:313:LEU:CD1	0.58	2.29	18	1
1:A:130:LEU:HD22	1:A:172:GLY:O	0.57	1.98	8	2
1:A:176:THR:CB	1:A:316:LEU:CB	0.57	2.82	12	2
1:A:222:LEU:HD12	1:A:273:GLU:CB	0.57	2.29	18	1
1:A:145:VAL:HG11	1:A:198:ILE:HG12	0.57	1.75	19	2
1:A:165:TYR:O	1:A:165:TYR:CD1	0.57	2.57	7	5
1:A:260:MET:CE	1:A:289:TYR:CE1	0.57	2.87	5	1
1:A:218:PHE:CE1	1:A:277:ILE:O	0.57	2.57	6	1
1:A:273:GLU:O	1:A:277:ILE:HD12	0.57	1.99	10	2
1:A:310:VAL:CG2	1:A:313:LEU:HD13	0.57	2.29	11	1
1:A:300:PHE:CD2	1:A:300:PHE:O	0.57	2.57	9	2
1:A:145:VAL:HG21	1:A:198:ILE:CG1	0.57	2.29	13	3
1:A:142:PHE:CD1	1:A:142:PHE:C	0.57	2.82	17	15
1:A:266:ALA:HB3	1:A:307:ASP:CB	0.57	2.29	11	4
1:A:263:GLN:NE2	1:A:313:LEU:CD1	0.57	2.67	9	1
1:A:206:VAL:HG13	1:A:208:LEU:CD2	0.57	2.30	18	1
1:A:144:GLN:CD	1:A:145:VAL:HG13	0.57	2.25	4	1
1:A:204:THR:CG2	1:A:205:SER:N	0.57	2.67	6	1
1:A:168:CYS:CB	1:A:173:VAL:HG22	0.57	2.28	10	3
1:A:293:TYR:CZ	1:A:314:PRO:O	0.57	2.57	7	2
1:A:166:ILE:CG2	1:A:202:LEU:HD11	0.57	2.29	15	2
1:A:177:PHE:CD1	1:A:315:GLN:OE1	0.57	2.57	8	2
1:A:296:ALA:HB1	1:A:312:LYS:HA	0.57	1.76	3	7
1:A:269:ARG:NH1	1:A:274:ILE:CD1	0.57	2.67	10	1
1:A:296:ALA:HB2	1:A:312:LYS:CG	0.57	2.30	12	1
1:A:120:GLU:OE1	1:A:160:ALA:HB3	0.57	1.99	18	1
1:A:271:GLN:HA	1:A:274:ILE:CG2	0.57	2.29	9	14
1:A:274:ILE:CG2	1:A:275:GLY:N	0.57	2.68	12	11
1:A:289:TYR:CD2	1:A:292:ILE:CG2	0.57	2.87	19	1
1:A:300:PHE:CD2	1:A:304:PHE:HB3	0.57	2.35	9	4
1:A:259:TYR:CE2	1:A:274:ILE:CG2	0.57	2.88	4	2
1:A:207:ASP:CB	1:A:283:VAL:HG11	0.57	2.29	6	1
1:A:300:PHE:CD1	1:A:304:PHE:HB2	0.57	2.34	17	4
1:A:231:ALA:O	1:A:234:HIS:CD2	0.57	2.57	10	1
1:A:245:VAL:HG22	1:A:292:ILE:CB	0.57	2.29	12	1
1:A:260:MET:SD	1:A:289:TYR:CE2	0.57	2.98	9	2
1:A:166:ILE:HD12	1:A:199:LEU:HD21	0.57	1.75	7	2
1:A:238:LYS:O	1:A:242:LEU:HD12	0.57	2.00	17	2
1:A:297:PRO:O	1:A:300:PHE:CD2	0.57	2.57	16	1
1:A:146:TYR:CD1	1:A:146:TYR:O	0.57	2.58	13	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:162:ALA:HB1	1:A:195:PHE:HA	0.57	1.76	3	12
1:A:124:MET:SD	1:A:164:LEU:HD12	0.57	2.40	4	1
1:A:146:TYR:O	1:A:146:TYR:CG	0.57	2.57	19	4
1:A:260:MET:SD	1:A:289:TYR:CE1	0.57	2.98	5	1
1:A:177:PHE:CG	1:A:315:GLN:OE1	0.57	2.57	13	1
1:A:138:THR:HG23	1:A:163:CYS:CB	0.57	2.30	20	4
1:A:221:ASN:CB	1:A:277:ILE:HD13	0.57	2.29	16	1
1:A:169:ARG:CD	1:A:271:GLN:NE2	0.57	2.67	18	1
1:A:222:LEU:HD23	1:A:222:LEU:C	0.57	2.25	18	1
1:A:240:VAL:CG2	1:A:253:VAL:HG11	0.57	2.30	19	1
1:A:250:PRO:O	1:A:251:ILE:CB	0.56	2.54	2	7
1:A:289:TYR:CE2	1:A:316:LEU:OXT	0.56	2.58	6	1
1:A:173:VAL:HG23	1:A:173:VAL:O	0.56	1.99	7	2
1:A:260:MET:HA	1:A:316:LEU:HD23	0.56	1.77	12	1
1:A:166:ILE:HD13	1:A:202:LEU:HD11	0.56	1.75	18	2
1:A:204:THR:CG2	1:A:206:VAL:HG23	0.56	2.29	3	1
1:A:313:LEU:O	1:A:313:LEU:HG	0.56	2.00	15	4
1:A:224:LEU:HD13	1:A:225:PRO:CD	0.56	2.28	7	1
1:A:235:ILE:HG13	1:A:300:PHE:CD1	0.56	2.36	9	2
1:A:260:MET:N	1:A:316:LEU:HD23	0.56	2.15	12	1
1:A:293:TYR:O	1:A:293:TYR:CD2	0.56	2.57	17	2
1:A:279:GLY:O	1:A:280:VAL:CB	0.56	2.53	18	1
1:A:224:LEU:HD23	1:A:225:PRO:O	0.56	1.99	20	1
1:A:161:SER:HA	1:A:164:LEU:HD12	0.56	1.75	1	1
1:A:168:CYS:CB	1:A:173:VAL:HG11	0.56	2.28	6	1
1:A:259:TYR:CZ	1:A:271:GLN:OE1	0.56	2.57	9	1
1:A:242:LEU:N	1:A:242:LEU:CD2	0.56	2.67	11	1
1:A:265:SER:OG	1:A:304:PHE:CZ	0.56	2.57	15	2
1:A:245:VAL:CG2	1:A:292:ILE:CD1	0.56	2.81	17	1
1:A:270:THR:O	1:A:274:ILE:CG2	0.56	2.54	19	18
1:A:222:LEU:HD22	1:A:273:GLU:HB3	0.56	1.76	3	1
1:A:206:VAL:CG1	1:A:207:ASP:N	0.56	2.67	17	5
1:A:310:VAL:HG23	1:A:311:ASP:N	0.56	2.15	20	6
1:A:207:ASP:C	1:A:208:LEU:HD22	0.56	2.26	11	1
1:A:300:PHE:CD1	1:A:304:PHE:HB3	0.56	2.36	15	2
1:A:245:VAL:CG2	1:A:291:LEU:CD2	0.56	2.83	3	4
1:A:249:SER:CB	1:A:250:PRO:CD	0.56	2.83	20	20
1:A:260:MET:HE2	1:A:289:TYR:OH	0.56	2.00	20	3
1:A:274:ILE:HG23	1:A:275:GLY:N	0.56	2.15	16	13
1:A:151:LEU:CD1	1:A:159:ILE:CG1	0.56	2.83	16	4
1:A:211:THR:CG2	1:A:212:GLY:N	0.56	2.67	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:173:VAL:HG13	1:A:259:TYR:OH	0.56	2.01	8	1
1:A:235:ILE:HG23	1:A:299:LEU:HB2	0.56	1.78	12	1
1:A:222:LEU:CD2	1:A:277:ILE:CD1	0.56	2.84	3	1
1:A:210:THR:HA	1:A:280:VAL:HG12	0.56	1.76	6	1
1:A:259:TYR:CE2	1:A:271:GLN:OE1	0.56	2.59	9	2
1:A:186:ILE:O	1:A:186:ILE:CG2	0.56	2.54	4	19
1:A:206:VAL:O	1:A:207:ASP:CB	0.56	2.54	4	5
1:A:252:SER:HB3	1:A:280:VAL:HG11	0.56	1.77	13	1
1:A:129:ASN:C	1:A:130:LEU:HD22	0.56	2.26	16	2
1:A:240:VAL:HG23	1:A:253:VAL:HG11	0.56	1.75	19	1
1:A:145:VAL:HG22	1:A:151:LEU:HD12	0.56	1.77	1	1
1:A:218:PHE:O	1:A:277:ILE:CG2	0.56	2.54	9	10
1:A:299:LEU:HD12	1:A:299:LEU:N	0.56	2.15	1	1
1:A:235:ILE:HD13	1:A:260:MET:HG3	0.56	1.77	6	2
1:A:260:MET:HE1	1:A:313:LEU:HB3	0.56	1.76	20	2
1:A:266:ALA:HB2	1:A:307:ASP:HB2	0.56	1.78	10	1
1:A:176:THR:HG21	1:A:316:LEU:C	0.56	2.26	2	1
1:A:222:LEU:N	1:A:222:LEU:CD2	0.56	2.67	13	2
1:A:252:SER:HA	1:A:284:THR:HG23	0.56	1.77	2	11
1:A:289:TYR:CD2	1:A:316:LEU:CD1	0.56	2.81	2	1
1:A:293:TYR:CZ	1:A:314:PRO:HA	0.56	2.36	2	2
1:A:232:ALA:HB2	1:A:261:ALA:HB2	0.56	1.78	4	3
1:A:224:LEU:HD12	1:A:267:GLU:OE1	0.56	2.01	9	3
1:A:306:PHE:CD1	1:A:310:VAL:HG23	0.56	2.36	6	1
1:A:176:THR:HG21	1:A:316:LEU:HB3	0.56	1.78	9	3
1:A:300:PHE:N	1:A:300:PHE:CD1	0.56	2.74	11	2
1:A:129:ASN:O	1:A:130:LEU:HD22	0.56	2.01	20	2
1:A:169:ARG:NH2	1:A:199:LEU:CD1	0.56	2.69	18	1
1:A:206:VAL:HG13	1:A:208:LEU:HD21	0.56	1.78	18	1
1:A:186:ILE:C	1:A:186:ILE:CD1	0.56	2.79	9	17
1:A:245:VAL:HG11	1:A:292:ILE:HB	0.56	1.78	4	2
1:A:245:VAL:HG23	1:A:288:SER:C	0.56	2.26	20	2
1:A:222:LEU:HD13	1:A:273:GLU:CG	0.56	2.31	9	1
1:A:235:ILE:CG1	1:A:300:PHE:CE1	0.55	2.89	20	6
1:A:234:HIS:CG	1:A:303:ASP:HB2	0.55	2.36	5	1
1:A:264:ALA:HB3	1:A:300:PHE:CZ	0.55	2.36	5	1
1:A:121:ILE:HG21	1:A:139:ASN:CA	0.55	2.32	19	5
1:A:296:ALA:HB2	1:A:312:LYS:HG3	0.55	1.76	12	1
1:A:213:ASP:OD2	1:A:278:ALA:HB1	0.55	2.01	13	1
1:A:213:ASP:HB3	1:A:251:ILE:HG22	0.55	1.78	6	6
1:A:252:SER:CB	1:A:284:THR:CB	0.55	2.85	11	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:174:PRO:CG	1:A:268:LYS:CG	0.55	2.85	10	1
1:A:235:ILE:HG21	1:A:260:MET:HE1	0.55	1.73	11	1
1:A:166:ILE:CD1	1:A:199:LEU:HD22	0.55	2.32	1	2
1:A:234:HIS:CE1	1:A:303:ASP:HB3	0.55	2.36	20	4
1:A:138:THR:HA	1:A:141:LEU:HD12	0.55	1.78	20	6
1:A:293:TYR:CB	1:A:296:ALA:O	0.55	2.55	3	9
1:A:245:VAL:CG1	1:A:292:ILE:CD1	0.55	2.84	6	1
1:A:264:ALA:O	1:A:306:PHE:CA	0.55	2.55	15	2
1:A:235:ILE:HG12	1:A:300:PHE:CE1	0.55	2.36	9	9
1:A:249:SER:CB	1:A:250:PRO:HD2	0.55	2.32	20	20
1:A:214:PHE:CE2	1:A:251:ILE:HG12	0.55	2.37	3	14
1:A:193:ARG:CZ	1:A:193:ARG:CB	0.55	2.84	8	1
1:A:263:GLN:NE2	1:A:313:LEU:HD22	0.55	2.16	8	1
1:A:235:ILE:CG1	1:A:300:PHE:CD1	0.55	2.89	9	1
1:A:245:VAL:HG21	1:A:287:GLN:O	0.55	2.01	3	6
1:A:228:VAL:CG1	1:A:261:ALA:C	0.55	2.80	6	11
1:A:265:SER:O	1:A:266:ALA:HB3	0.55	2.02	12	1
1:A:286:ARG:O	1:A:290:ARG:CB	0.55	2.55	15	11
1:A:173:VAL:O	1:A:173:VAL:CG1	0.55	2.54	17	6
1:A:293:TYR:CE1	1:A:314:PRO:HA	0.55	2.36	17	3
1:A:289:TYR:CD2	1:A:316:LEU:N	0.55	2.74	11	1
1:A:169:ARG:NH2	1:A:199:LEU:HD12	0.55	2.17	18	1
1:A:293:TYR:C	1:A:293:TYR:CD1	0.55	2.85	8	5
1:A:168:CYS:C	1:A:173:VAL:CG2	0.55	2.79	16	1
1:A:295:ARG:O	1:A:296:ALA:CB	0.55	2.55	14	14
1:A:277:ILE:HG22	1:A:277:ILE:O	0.55	2.02	5	3
1:A:296:ALA:HB3	1:A:312:LYS:CD	0.55	2.32	6	1
1:A:234:HIS:CE1	1:A:235:ILE:HG12	0.55	2.37	10	1
1:A:224:LEU:HD13	1:A:269:ARG:CG	0.55	2.31	11	2
1:A:287:GLN:O	1:A:291:LEU:HD21	0.55	2.01	11	1
1:A:264:ALA:O	1:A:304:PHE:CZ	0.55	2.59	12	1
1:A:300:PHE:CE2	1:A:306:PHE:CZ	0.55	2.95	16	2
1:A:252:SER:CB	1:A:284:THR:OG1	0.55	2.55	13	13
1:A:128:ILE:HG22	1:A:130:LEU:CD2	0.55	2.32	16	3
1:A:313:LEU:O	1:A:313:LEU:CD1	0.55	2.55	5	1
1:A:310:VAL:HG13	1:A:311:ASP:N	0.55	2.17	7	2
1:A:245:VAL:HG13	1:A:288:SER:O	0.55	2.02	12	1
1:A:214:PHE:CZ	1:A:251:ILE:HG12	0.55	2.37	13	8
1:A:232:ALA:O	1:A:257:ALA:HB1	0.55	2.02	1	6
1:A:245:VAL:CG2	1:A:287:GLN:O	0.55	2.55	16	6
1:A:260:MET:HB2	1:A:289:TYR:CE2	0.55	2.37	13	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:292:ILE:O	1:A:292:ILE:CD1	0.55	2.55	5	3
1:A:304:PHE:O	1:A:306:PHE:N	0.55	2.40	12	6
1:A:255:ALA:HB2	1:A:280:VAL:HG21	0.55	1.78	20	1
1:A:283:VAL:O	1:A:287:GLN:CG	0.54	2.55	16	3
1:A:260:MET:C	1:A:260:MET:CE	0.54	2.80	12	1
1:A:170:GLN:O	1:A:171:GLU:CB	0.54	2.55	3	15
1:A:314:PRO:O	1:A:315:GLN:CB	0.54	2.55	6	12
1:A:251:ILE:O	1:A:254:ALA:HB3	0.54	2.01	16	10
1:A:165:TYR:O	1:A:169:ARG:CG	0.54	2.56	4	7
1:A:137:ARG:HB2	1:A:167:ALA:HB2	0.54	1.77	5	1
1:A:245:VAL:HG22	1:A:292:ILE:HG22	0.54	1.77	12	1
1:A:117:ALA:HB2	1:A:156:ASN:HB3	0.54	1.78	1	2
1:A:204:THR:O	1:A:205:SER:CB	0.54	2.56	15	19
1:A:151:LEU:C	1:A:152:LYS:CD	0.54	2.81	2	1
1:A:298:ASP:O	1:A:299:LEU:C	0.54	2.51	10	10
1:A:228:VAL:CG2	1:A:267:GLU:CB	0.54	2.82	11	4
1:A:256:ALA:CB	1:A:288:SER:OG	0.54	2.56	12	3
1:A:235:ILE:HG23	1:A:300:PHE:HD2	0.54	1.57	6	1
1:A:193:ARG:CG	1:A:194:CYS:N	0.54	2.71	17	3
1:A:260:MET:HB3	1:A:289:TYR:CE1	0.54	2.36	11	1
1:A:275:GLY:CA	1:A:285:ILE:CD1	0.54	2.85	14	2
1:A:154:ARG:O	1:A:155:ALA:CB	0.54	2.56	2	12
1:A:151:LEU:HD12	1:A:159:ILE:HD11	0.54	1.78	6	2
1:A:293:TYR:CE1	1:A:295:ARG:C	0.54	2.86	17	3
1:A:306:PHE:HE1	1:A:313:LEU:HD11	0.54	1.61	18	2
1:A:292:ILE:HG13	1:A:293:TYR:CE2	0.54	2.38	12	1
1:A:224:LEU:HD22	1:A:269:ARG:HD2	0.54	1.79	17	1
1:A:168:CYS:CB	1:A:173:VAL:CG1	0.54	2.86	3	1
1:A:239:ALA:HB2	1:A:292:ILE:HD11	0.54	1.78	7	2
1:A:259:TYR:CD2	1:A:316:LEU:HD21	0.54	2.38	16	3
1:A:289:TYR:CE1	1:A:292:ILE:HG21	0.54	2.37	8	1
1:A:224:LEU:HD22	1:A:269:ARG:HE	0.54	1.63	10	1
1:A:297:PRO:HB2	1:A:300:PHE:CZ	0.54	2.38	17	5
1:A:124:MET:HE3	1:A:125:ALA:CA	0.54	2.31	4	1
1:A:308:THR:HG22	1:A:310:VAL:HG22	0.54	1.79	14	2
1:A:169:ARG:NH1	1:A:286:ARG:CG	0.54	2.70	18	1
1:A:169:ARG:O	1:A:271:GLN:CG	0.54	2.56	6	5
1:A:301:PRO:O	1:A:302:THR:CB	0.54	2.55	8	6
1:A:234:HIS:CG	1:A:303:ASP:CB	0.54	2.91	5	2
1:A:213:ASP:CG	1:A:280:VAL:CG2	0.54	2.81	20	8
1:A:259:TYR:CE2	1:A:271:GLN:NE2	0.54	2.76	11	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:294:PRO:O	1:A:295:ARG:CB	0.54	2.56	17	5
1:A:213:ASP:HB2	1:A:280:VAL:HG23	0.54	1.79	20	2
1:A:260:MET:SD	1:A:289:TYR:CZ	0.54	3.00	5	3
1:A:286:ARG:O	1:A:290:ARG:CG	0.54	2.56	12	8
1:A:225:PRO:CD	1:A:267:GLU:CD	0.54	2.81	2	3
1:A:270:THR:O	1:A:272:LYS:N	0.54	2.41	9	4
1:A:244:LEU:CG	1:A:244:LEU:O	0.54	2.55	12	2
1:A:260:MET:HE1	1:A:264:ALA:CB	0.54	2.33	10	1
1:A:195:PHE:CD2	1:A:199:LEU:HD21	0.54	2.38	15	1
1:A:242:LEU:HD12	1:A:242:LEU:O	0.54	2.03	19	1
1:A:176:THR:OG1	1:A:316:LEU:CB	0.54	2.56	6	6
1:A:252:SER:O	1:A:284:THR:CG2	0.54	2.56	11	2
1:A:316:LEU:O	1:A:316:LEU:CG	0.54	2.57	7	1
1:A:310:VAL:HG21	1:A:313:LEU:CG	0.54	2.32	12	3
1:A:214:PHE:CZ	1:A:251:ILE:HD12	0.54	2.38	10	1
1:A:165:TYR:CE1	1:A:169:ARG:HG2	0.54	2.38	13	1
1:A:251:ILE:HD12	1:A:251:ILE:H	0.53	1.63	13	2
1:A:312:LYS:C	1:A:314:PRO:CD	0.53	2.81	11	2
1:A:176:THR:HG21	1:A:316:LEU:CA	0.53	2.32	17	1
1:A:146:TYR:O	1:A:146:TYR:CD1	0.53	2.61	2	3
1:A:288:SER:O	1:A:292:ILE:CG1	0.53	2.56	2	3
1:A:260:MET:HG2	1:A:289:TYR:CE2	0.53	2.39	17	2
1:A:259:TYR:CB	1:A:316:LEU:HD21	0.53	2.32	6	1
1:A:244:LEU:CD1	1:A:291:LEU:O	0.53	2.56	11	3
1:A:170:GLN:O	1:A:171:GLU:CG	0.53	2.56	12	2
1:A:293:TYR:OH	1:A:314:PRO:CA	0.53	2.56	13	1
1:A:170:GLN:C	1:A:171:GLU:CG	0.53	2.81	10	6
1:A:222:LEU:O	1:A:223:CYS:CB	0.53	2.57	11	18
1:A:263:GLN:NE2	1:A:316:LEU:C	0.53	2.67	1	1
1:A:231:ALA:HB1	1:A:304:PHE:CG	0.53	2.38	17	8
1:A:310:VAL:HG21	1:A:313:LEU:HG	0.53	1.81	12	3
1:A:236:ALA:HA	1:A:253:VAL:HG12	0.53	1.80	9	1
1:A:239:ALA:HB3	1:A:253:VAL:HG11	0.53	1.80	10	2
1:A:227:GLN:O	1:A:231:ALA:HB2	0.53	2.04	17	1
1:A:245:VAL:CG2	1:A:292:ILE:CG1	0.53	2.86	17	1
1:A:315:GLN:O	1:A:316:LEU:CB	0.53	2.55	20	2
1:A:176:THR:CG2	1:A:177:PHE:N	0.53	2.70	16	15
1:A:244:LEU:CD2	1:A:291:LEU:O	0.53	2.57	5	5
1:A:272:LYS:O	1:A:276:ASP:CB	0.53	2.57	3	15
1:A:177:PHE:CD1	1:A:180:ILE:CG1	0.53	2.91	19	4
1:A:245:VAL:CG2	1:A:288:SER:O	0.53	2.57	19	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:260:MET:O	1:A:263:GLN:CG	0.53	2.57	8	2
1:A:213:ASP:OD1	1:A:255:ALA:HB2	0.53	2.04	10	1
1:A:239:ALA:CB	1:A:253:VAL:HG11	0.53	2.34	15	2
1:A:207:ASP:OD1	1:A:283:VAL:CG1	0.53	2.56	17	2
1:A:209:ILE:CG2	1:A:279:GLY:O	0.53	2.57	3	7
1:A:235:ILE:CG2	1:A:289:TYR:OH	0.53	2.57	15	12
1:A:288:SER:O	1:A:292:ILE:CD1	0.53	2.57	2	3
1:A:176:THR:OG1	1:A:316:LEU:CG	0.53	2.57	13	3
1:A:238:LYS:CB	1:A:299:LEU:O	0.53	2.57	9	5
1:A:168:CYS:HB2	1:A:173:VAL:HG21	0.53	1.79	11	1
1:A:234:HIS:C	1:A:234:HIS:CD2	0.53	2.86	14	1
1:A:228:VAL:CG1	1:A:265:SER:OG	0.53	2.56	1	3
1:A:297:PRO:HB2	1:A:300:PHE:CE2	0.53	2.37	20	2
1:A:143:LYS:C	1:A:143:LYS:CD	0.53	2.82	2	1
1:A:160:ALA:O	1:A:164:LEU:CD2	0.53	2.57	8	19
1:A:117:ALA:HB2	1:A:142:PHE:CZ	0.53	2.38	20	3
1:A:130:LEU:HD12	1:A:134:ILE:HG21	0.53	1.80	6	1
1:A:145:VAL:HG11	1:A:198:ILE:HG23	0.53	1.80	19	3
1:A:228:VAL:CG1	1:A:261:ALA:O	0.53	2.57	14	5
1:A:297:PRO:CD	1:A:313:LEU:O	0.53	2.57	6	1
1:A:222:LEU:HD13	1:A:273:GLU:OE1	0.53	2.03	10	1
1:A:288:SER:O	1:A:292:ILE:CG2	0.53	2.57	15	1
1:A:298:ASP:O	1:A:299:LEU:HB2	0.53	2.04	15	1
1:A:173:VAL:O	1:A:271:GLN:CG	0.53	2.56	19	1
1:A:124:MET:HE2	1:A:184:SER:HB3	0.53	1.79	20	1
1:A:250:PRO:O	1:A:251:ILE:CD1	0.53	2.57	6	7
1:A:292:ILE:CG2	1:A:299:LEU:CD2	0.53	2.87	2	1
1:A:210:THR:CG2	1:A:252:SER:OG	0.53	2.57	6	1
1:A:114:MET:O	1:A:118:PHE:CD1	0.53	2.61	8	3
1:A:269:ARG:CZ	1:A:273:GLU:O	0.53	2.57	9	1
1:A:269:ARG:CZ	1:A:274:ILE:HD12	0.53	2.34	10	1
1:A:128:ILE:O	1:A:129:ASN:CB	0.53	2.57	1	12
1:A:117:ALA:HB2	1:A:156:ASN:HB2	0.53	1.80	2	4
1:A:244:LEU:O	1:A:291:LEU:CD1	0.53	2.57	2	1
1:A:176:THR:OG1	1:A:316:LEU:CD2	0.53	2.57	16	4
1:A:299:LEU:O	1:A:300:PHE:C	0.53	2.52	16	4
1:A:263:GLN:OE1	1:A:313:LEU:CD1	0.53	2.57	4	2
1:A:244:LEU:O	1:A:244:LEU:HD12	0.53	2.03	6	2
1:A:289:TYR:CE2	1:A:316:LEU:C	0.53	2.87	6	1
1:A:176:THR:CG2	1:A:315:GLN:O	0.53	2.57	7	6
1:A:191:ILE:O	1:A:195:PHE:CB	0.53	2.57	16	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:293:TYR:CZ	1:A:295:ARG:C	0.53	2.87	17	1
1:A:312:LYS:CG	1:A:312:LYS:O	0.53	2.56	1	3
1:A:139:ASN:OD1	1:A:140:ASN:N	0.53	2.42	4	4
1:A:151:LEU:HD21	1:A:194:CYS:HB2	0.53	1.81	2	1
1:A:262:SER:CB	1:A:267:GLU:O	0.53	2.57	3	3
1:A:153:GLY:O	1:A:154:ARG:CG	0.53	2.57	4	2
1:A:213:ASP:OD2	1:A:280:VAL:CG2	0.53	2.57	4	2
1:A:273:GLU:O	1:A:277:ILE:CD1	0.53	2.57	8	3
1:A:300:PHE:CE2	1:A:304:PHE:CE2	0.53	2.97	5	1
1:A:305:LYS:O	1:A:306:PHE:C	0.53	2.52	9	3
1:A:245:VAL:CG1	1:A:288:SER:O	0.53	2.56	19	3
1:A:280:VAL:CG1	1:A:284:THR:HG21	0.53	2.29	12	2
1:A:117:ALA:CB	1:A:142:PHE:CE1	0.53	2.92	20	2
1:A:277:ILE:O	1:A:277:ILE:HG22	0.53	2.02	20	2
1:A:141:LEU:CD2	1:A:202:LEU:HD22	0.53	2.34	19	2
1:A:145:VAL:O	1:A:145:VAL:CG2	0.53	2.57	3	3
1:A:180:ILE:O	1:A:183:VAL:CG1	0.53	2.57	12	14
1:A:245:VAL:CG1	1:A:287:GLN:O	0.53	2.57	2	1
1:A:134:ILE:CD1	1:A:167:ALA:O	0.53	2.57	6	9
1:A:172:GLY:HA2	1:A:271:GLN:N	0.53	2.18	9	3
1:A:121:ILE:HD11	1:A:142:PHE:CB	0.53	2.34	16	5
1:A:205:SER:O	1:A:207:ASP:N	0.53	2.42	15	2
1:A:244:LEU:O	1:A:244:LEU:HD23	0.53	2.04	8	1
1:A:168:CYS:HB2	1:A:173:VAL:HG13	0.53	1.79	10	1
1:A:207:ASP:OD1	1:A:248:ARG:CZ	0.53	2.57	10	1
1:A:224:LEU:CD1	1:A:269:ARG:CG	0.53	2.87	17	2
1:A:227:GLN:O	1:A:231:ALA:CB	0.53	2.57	17	1
1:A:185:ARG:CG	1:A:185:ARG:O	0.52	2.57	5	2
1:A:168:CYS:HB2	1:A:173:VAL:HG11	0.52	1.79	11	1
1:A:287:GLN:O	1:A:291:LEU:CD2	0.52	2.57	11	1
1:A:311:ASP:O	1:A:312:LYS:CD	0.52	2.57	14	1
1:A:166:ILE:O	1:A:170:GLN:CG	0.52	2.57	4	3
1:A:266:ALA:CB	1:A:307:ASP:HB3	0.52	2.35	15	16
1:A:151:LEU:CD2	1:A:194:CYS:CB	0.52	2.87	2	1
1:A:202:LEU:O	1:A:202:LEU:CD1	0.52	2.57	2	4
1:A:224:LEU:C	1:A:224:LEU:CD1	0.52	2.82	3	3
1:A:263:GLN:NE2	1:A:313:LEU:HD13	0.52	2.19	5	2
1:A:120:GLU:O	1:A:124:MET:CG	0.52	2.57	17	5
1:A:260:MET:CE	1:A:260:MET:O	0.52	2.57	12	2
1:A:254:ALA:O	1:A:258:ILE:CD1	0.52	2.57	16	1
1:A:289:TYR:CE2	1:A:315:GLN:HG3	0.52	2.39	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:232:ALA:CB	1:A:257:ALA:O	0.52	2.57	1	5
1:A:289:TYR:CG	1:A:316:LEU:HA	0.52	2.40	6	4
1:A:311:ASP:O	1:A:312:LYS:CB	0.52	2.57	1	4
1:A:157:ASP:OD1	1:A:186:ILE:CG2	0.52	2.58	2	1
1:A:247:GLY:O	1:A:249:SER:N	0.52	2.42	20	3
1:A:141:LEU:HD11	1:A:163:CYS:HB3	0.52	1.81	4	1
1:A:203:GLU:OE1	1:A:286:ARG:CZ	0.52	2.57	8	1
1:A:234:HIS:CE1	1:A:303:ASP:HB2	0.52	2.39	20	2
1:A:245:VAL:O	1:A:245:VAL:CG1	0.52	2.57	16	4
1:A:310:VAL:CG2	1:A:313:LEU:HD21	0.52	2.33	10	1
1:A:242:LEU:N	1:A:242:LEU:HD22	0.52	2.20	11	1
1:A:260:MET:CB	1:A:316:LEU:O	0.52	2.57	11	1
1:A:221:ASN:CB	1:A:277:ILE:CD1	0.52	2.88	16	1
1:A:138:THR:OG1	1:A:164:LEU:CD2	0.52	2.57	1	1
1:A:195:PHE:CZ	1:A:199:LEU:HG	0.52	2.40	18	10
1:A:213:ASP:CG	1:A:255:ALA:HB2	0.52	2.28	10	4
1:A:208:LEU:C	1:A:209:ILE:CD1	0.52	2.82	3	3
1:A:266:ALA:CB	1:A:307:ASP:HB2	0.52	2.34	9	7
1:A:260:MET:SD	1:A:316:LEU:CA	0.52	2.97	5	1
1:A:278:ALA:CB	1:A:280:VAL:HG22	0.52	2.35	6	1
1:A:313:LEU:CA	1:A:315:GLN:OE1	0.52	2.57	15	1
1:A:128:ILE:O	1:A:130:LEU:CD2	0.52	2.57	16	1
1:A:247:GLY:CA	1:A:284:THR:OG1	0.52	2.57	20	1
1:A:128:ILE:O	1:A:128:ILE:CG2	0.52	2.57	18	10
1:A:157:ASP:CB	1:A:186:ILE:HG21	0.52	2.34	8	6
1:A:305:LYS:O	1:A:306:PHE:CB	0.52	2.57	11	13
1:A:195:PHE:O	1:A:199:LEU:CD1	0.52	2.57	14	2
1:A:113:ALA:CB	1:A:146:TYR:OH	0.52	2.57	4	3
1:A:174:PRO:O	1:A:176:THR:N	0.52	2.43	19	6
1:A:169:ARG:O	1:A:271:GLN:NE2	0.52	2.43	20	3
1:A:263:GLN:CG	1:A:313:LEU:CD2	0.52	2.81	20	1
1:A:270:THR:OG1	1:A:273:GLU:CG	0.52	2.57	20	1
1:A:263:GLN:NE2	1:A:316:LEU:OXT	0.52	2.43	1	1
1:A:271:GLN:HA	1:A:274:ILE:HG22	0.52	1.80	1	11
1:A:168:CYS:O	1:A:271:GLN:CG	0.52	2.57	2	2
1:A:222:LEU:HD11	1:A:269:ARG:CG	0.52	2.35	2	1
1:A:269:ARG:O	1:A:270:THR:CG2	0.52	2.57	3	5
1:A:311:ASP:O	1:A:312:LYS:CG	0.52	2.57	3	2
1:A:260:MET:CE	1:A:313:LEU:O	0.52	2.57	5	1
1:A:235:ILE:CG2	1:A:260:MET:CE	0.52	2.81	11	1
1:A:260:MET:HG2	1:A:289:TYR:CG	0.52	2.40	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:245:VAL:HG22	1:A:292:ILE:CD1	0.52	2.35	17	1
1:A:198:ILE:O	1:A:202:LEU:CD2	0.52	2.57	1	4
1:A:209:ILE:O	1:A:211:THR:N	0.52	2.43	17	8
1:A:242:LEU:O	1:A:243:ASP:CB	0.52	2.57	12	7
1:A:207:ASP:O	1:A:208:LEU:CD1	0.52	2.58	3	1
1:A:144:GLN:OE1	1:A:145:VAL:CG1	0.52	2.57	4	1
1:A:165:TYR:HB2	1:A:180:ILE:HD13	0.52	1.81	7	10
1:A:168:CYS:CB	1:A:173:VAL:HG13	0.52	2.35	10	3
1:A:289:TYR:CG	1:A:316:LEU:HD12	0.52	2.40	20	3
1:A:151:LEU:HD12	1:A:159:ILE:HG12	0.52	1.82	11	1
1:A:289:TYR:CD1	1:A:316:LEU:HA	0.52	2.40	13	1
1:A:177:PHE:CB	1:A:315:GLN:OE1	0.52	2.57	14	1
1:A:173:VAL:CG2	1:A:179:GLU:HG3	0.52	2.35	15	1
1:A:124:MET:CE	1:A:184:SER:OG	0.52	2.58	17	1
1:A:206:VAL:O	1:A:208:LEU:N	0.52	2.43	8	6
1:A:209:ILE:CB	1:A:279:GLY:O	0.52	2.58	11	6
1:A:230:MET:O	1:A:234:HIS:ND1	0.52	2.43	5	7
1:A:303:ASP:O	1:A:305:LYS:N	0.52	2.43	1	3
1:A:135:VAL:O	1:A:139:ASN:ND2	0.52	2.43	2	3
1:A:218:PHE:CD1	1:A:219:CYS:N	0.52	2.77	19	7
1:A:228:VAL:CG2	1:A:267:GLU:HB2	0.52	2.35	11	5
1:A:153:GLY:O	1:A:154:ARG:CB	0.52	2.57	14	6
1:A:141:LEU:CB	1:A:163:CYS:SG	0.52	2.98	11	7
1:A:165:TYR:CE1	1:A:169:ARG:HB3	0.52	2.40	8	5
1:A:124:MET:SD	1:A:183:VAL:HG13	0.52	2.45	9	1
1:A:310:VAL:CG1	1:A:313:LEU:CD2	0.52	2.87	10	1
1:A:121:ILE:CG2	1:A:139:ASN:OD1	0.52	2.57	12	1
1:A:260:MET:CG	1:A:289:TYR:CE2	0.52	2.92	15	2
1:A:224:LEU:HD21	1:A:269:ARG:HD3	0.52	1.82	19	1
1:A:297:PRO:HA	1:A:299:LEU:CD1	0.52	2.35	16	8
1:A:203:GLU:OE1	1:A:286:ARG:NH1	0.52	2.43	8	1
1:A:219:CYS:O	1:A:269:ARG:NH2	0.52	2.43	13	2
1:A:269:ARG:NH2	1:A:273:GLU:O	0.52	2.43	13	1
1:A:252:SER:HB2	1:A:284:THR:HG21	0.52	1.80	20	1
1:A:265:SER:O	1:A:266:ALA:C	0.52	2.53	17	18
1:A:124:MET:SD	1:A:164:LEU:CD1	0.52	2.97	4	1
1:A:130:LEU:CD2	1:A:172:GLY:O	0.52	2.57	4	1
1:A:153:GLY:O	1:A:154:ARG:CD	0.52	2.58	4	1
1:A:244:LEU:CD1	1:A:292:ILE:O	0.52	2.56	8	2
1:A:259:TYR:CE2	1:A:271:GLN:CD	0.52	2.88	9	2
1:A:306:PHE:O	1:A:306:PHE:CD1	0.52	2.63	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:188:LYS:NZ	1:A:191:ILE:HD12	0.52	2.20	19	1
1:A:240:VAL:HG22	1:A:253:VAL:HG21	0.51	1.82	1	1
1:A:194:CYS:O	1:A:198:ILE:CD1	0.51	2.57	5	7
1:A:293:TYR:CD2	1:A:315:GLN:HA	0.51	2.40	2	1
1:A:234:HIS:CD2	1:A:302:THR:HB	0.51	2.41	6	1
1:A:151:LEU:CD1	1:A:194:CYS:SG	0.51	2.98	16	4
1:A:256:ALA:CB	1:A:288:SER:HB2	0.51	2.35	8	4
1:A:224:LEU:HD22	1:A:269:ARG:CZ	0.51	2.36	11	1
1:A:264:ALA:O	1:A:304:PHE:CE1	0.51	2.63	12	1
1:A:297:PRO:O	1:A:300:PHE:CZ	0.51	2.63	14	1
1:A:260:MET:SD	1:A:260:MET:N	0.51	2.83	16	1
1:A:124:MET:HE1	1:A:184:SER:OG	0.51	2.04	17	1
1:A:257:ALA:O	1:A:261:ALA:CB	0.51	2.57	17	1
1:A:128:ILE:O	1:A:128:ILE:HG22	0.51	2.05	1	5
1:A:194:CYS:HA	1:A:197:LEU:HD12	0.51	1.80	1	2
1:A:263:GLN:CD	1:A:313:LEU:HD21	0.51	2.29	1	2
1:A:219:CYS:O	1:A:269:ARG:NH1	0.51	2.43	3	3
1:A:224:LEU:CD1	1:A:225:PRO:O	0.51	2.57	3	2
1:A:150:SER:CB	1:A:197:LEU:HD22	0.51	2.35	6	2
1:A:114:MET:HG3	1:A:146:TYR:CE2	0.51	2.40	14	3
1:A:202:LEU:C	1:A:202:LEU:HD12	0.51	2.30	7	1
1:A:260:MET:HG3	1:A:289:TYR:CE2	0.51	2.40	15	1
1:A:297:PRO:O	1:A:299:LEU:CD2	0.51	2.54	15	1
1:A:280:VAL:O	1:A:281:ALA:CB	0.51	2.56	18	2
1:A:230:MET:O	1:A:234:HIS:CG	0.51	2.63	12	2
1:A:292:ILE:O	1:A:292:ILE:CG2	0.51	2.56	5	1
1:A:203:GLU:O	1:A:204:THR:CB	0.51	2.57	10	1
1:A:260:MET:HE1	1:A:264:ALA:HB3	0.51	1.82	10	1
1:A:263:GLN:CD	1:A:313:LEU:CD2	0.51	2.83	11	1
1:A:292:ILE:O	1:A:293:TYR:C	0.51	2.52	17	1
1:A:210:THR:CB	1:A:249:SER:OG	0.51	2.57	3	1
1:A:219:CYS:O	1:A:269:ARG:CZ	0.51	2.59	5	1
1:A:299:LEU:N	1:A:299:LEU:HD23	0.51	2.21	14	2
1:A:264:ALA:O	1:A:306:PHE:CB	0.51	2.58	15	1
1:A:206:VAL:HG11	1:A:281:ALA:HA	0.51	1.82	20	1
1:A:197:LEU:HD23	1:A:200:LYS:HE2	0.51	1.82	1	1
1:A:306:PHE:CE1	1:A:310:VAL:HG21	0.51	2.40	1	2
1:A:156:ASN:OD1	1:A:157:ASP:N	0.51	2.43	6	2
1:A:130:LEU:CD1	1:A:168:CYS:SG	0.51	2.98	8	1
1:A:260:MET:HE3	1:A:260:MET:C	0.51	2.30	10	1
1:A:245:VAL:HB	1:A:246:PRO:CD	0.51	2.36	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:202:LEU:O	1:A:202:LEU:CG	0.51	2.58	16	3
1:A:240:VAL:CG2	1:A:253:VAL:CG1	0.51	2.88	19	1
1:A:168:CYS:SG	1:A:169:ARG:N	0.51	2.83	4	5
1:A:234:HIS:CG	1:A:303:ASP:HB3	0.51	2.41	17	5
1:A:273:GLU:O	1:A:277:ILE:CG1	0.51	2.59	2	2
1:A:260:MET:O	1:A:260:MET:CE	0.51	2.57	13	1
1:A:176:THR:CB	1:A:316:LEU:HD22	0.51	2.35	16	1
1:A:161:SER:OG	1:A:191:ILE:CD1	0.51	2.57	17	1
1:A:289:TYR:OH	1:A:299:LEU:HD23	0.51	2.05	20	1
1:A:209:ILE:O	1:A:210:THR:C	0.51	2.53	17	14
1:A:155:ALA:CB	1:A:190:GLU:OE1	0.51	2.58	9	2
1:A:310:VAL:CG2	1:A:313:LEU:CD1	0.51	2.86	7	1
1:A:215:MET:O	1:A:216:SER:CB	0.51	2.57	15	3
1:A:213:ASP:OD2	1:A:255:ALA:N	0.51	2.43	19	1
1:A:186:ILE:HD13	1:A:187:SER:N	0.51	2.21	6	5
1:A:195:PHE:CE1	1:A:199:LEU:HG	0.51	2.41	8	4
1:A:260:MET:C	1:A:260:MET:HE2	0.51	2.30	12	1
1:A:292:ILE:CG2	1:A:299:LEU:HD11	0.51	2.31	13	1
1:A:162:ALA:HB3	1:A:198:ILE:CD1	0.51	2.36	18	1
1:A:271:GLN:CA	1:A:274:ILE:HG22	0.51	2.36	9	5
1:A:265:SER:HB2	1:A:304:PHE:CZ	0.51	2.41	3	5
1:A:260:MET:HE3	1:A:261:ALA:CA	0.51	2.36	10	1
1:A:314:PRO:O	1:A:315:GLN:CG	0.51	2.59	13	1
1:A:259:TYR:CD1	1:A:274:ILE:CG2	0.51	2.92	14	1
1:A:235:ILE:CG1	1:A:300:PHE:CD2	0.51	2.94	19	1
1:A:202:LEU:CG	1:A:202:LEU:O	0.51	2.58	11	2
1:A:207:ASP:OD2	1:A:283:VAL:CG1	0.51	2.59	1	1
1:A:213:ASP:HB2	1:A:280:VAL:CG2	0.51	2.35	16	10
1:A:222:LEU:HD22	1:A:273:GLU:HB2	0.51	1.81	1	1
1:A:293:TYR:HB2	1:A:296:ALA:O	0.51	2.06	8	14
1:A:151:LEU:CD2	1:A:194:CYS:HB3	0.51	2.36	2	1
1:A:293:TYR:CE1	1:A:296:ALA:N	0.51	2.79	2	1
1:A:134:ILE:CG2	1:A:168:CYS:SG	0.51	2.98	14	5
1:A:124:MET:CE	1:A:164:LEU:HD12	0.51	2.35	4	1
1:A:244:LEU:HD13	1:A:292:ILE:HD13	0.51	1.82	5	1
1:A:212:GLY:O	1:A:218:PHE:CZ	0.51	2.64	20	2
1:A:259:TYR:CE2	1:A:271:GLN:HG2	0.50	2.41	1	7
1:A:206:VAL:HG12	1:A:206:VAL:O	0.50	2.06	6	2
1:A:193:ARG:O	1:A:196:LYS:CG	0.50	2.59	5	1
1:A:284:THR:HG23	1:A:285:ILE:N	0.50	2.20	6	2
1:A:176:THR:CG2	1:A:316:LEU:HB2	0.50	2.36	12	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:128:ILE:CG2	1:A:130:LEU:CD1	0.50	2.89	13	1
1:A:297:PRO:O	1:A:300:PHE:CE1	0.50	2.64	14	1
1:A:252:SER:HB2	1:A:284:THR:CG2	0.50	2.36	20	1
1:A:142:PHE:CE1	1:A:146:TYR:HB2	0.50	2.41	2	5
1:A:252:SER:HA	1:A:284:THR:CG2	0.50	2.37	2	14
1:A:301:PRO:O	1:A:302:THR:OG1	0.50	2.30	20	7
1:A:175:ARG:O	1:A:259:TYR:CE2	0.50	2.64	3	1
1:A:300:PHE:CD2	1:A:306:PHE:CE2	0.50	2.99	4	1
1:A:316:LEU:CD1	1:A:316:LEU:OXT	0.50	2.57	4	1
1:A:235:ILE:HG12	1:A:300:PHE:CD2	0.50	2.41	6	5
1:A:176:THR:CG2	1:A:316:LEU:CB	0.50	2.89	12	2
1:A:244:LEU:CB	1:A:292:ILE:CD1	0.50	2.89	15	1
1:A:289:TYR:CE2	1:A:292:ILE:HG21	0.50	2.41	19	1
1:A:238:LYS:CG	1:A:299:LEU:O	0.50	2.59	20	1
1:A:157:ASP:N	1:A:157:ASP:OD1	0.50	2.43	1	1
1:A:195:PHE:CE2	1:A:199:LEU:HG	0.50	2.42	2	7
1:A:272:LYS:CG	1:A:273:GLU:N	0.50	2.73	5	1
1:A:169:ARG:NE	1:A:170:GLN:CG	0.50	2.74	6	1
1:A:300:PHE:CD1	1:A:304:PHE:CD2	0.50	2.99	6	2
1:A:312:LYS:O	1:A:313:LEU:C	0.50	2.53	9	6
1:A:260:MET:CE	1:A:313:LEU:HD13	0.50	2.26	13	1
1:A:300:PHE:CE1	1:A:304:PHE:HB3	0.50	2.41	18	2
1:A:310:VAL:CG1	1:A:313:LEU:HD12	0.50	2.35	16	1
1:A:256:ALA:HB3	1:A:288:SER:OG	0.50	2.06	2	5
1:A:124:MET:HE2	1:A:164:LEU:HD11	0.50	1.84	4	1
1:A:293:TYR:CE1	1:A:314:PRO:HB2	0.50	2.41	4	1
1:A:211:THR:HG23	1:A:212:GLY:N	0.50	2.21	12	2
1:A:265:SER:OG	1:A:304:PHE:CE1	0.50	2.61	15	4
1:A:271:GLN:HE22	1:A:285:ILE:HD12	0.50	1.65	8	1
1:A:197:LEU:C	1:A:197:LEU:CD1	0.50	2.79	16	2
1:A:171:GLU:HB3	1:A:272:LYS:CG	0.50	2.37	15	1
1:A:244:LEU:HB3	1:A:292:ILE:CG1	0.50	2.36	15	2
1:A:260:MET:HG2	1:A:289:TYR:CD1	0.50	2.41	16	1
1:A:267:GLU:OE1	1:A:269:ARG:NH1	0.50	2.45	20	1
1:A:166:ILE:HD13	1:A:166:ILE:N	0.50	2.20	12	3
1:A:206:VAL:O	1:A:208:LEU:CD2	0.50	2.59	6	1
1:A:252:SER:CB	1:A:284:THR:HB	0.50	2.37	6	2
1:A:259:TYR:CG	1:A:316:LEU:HD21	0.50	2.41	6	1
1:A:193:ARG:HG3	1:A:194:CYS:N	0.50	2.22	17	3
1:A:260:MET:HG3	1:A:289:TYR:CZ	0.50	2.42	8	2
1:A:283:VAL:CG2	1:A:287:GLN:OE1	0.50	2.60	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:197:LEU:C	1:A:197:LEU:CD2	0.50	2.79	13	2
1:A:213:ASP:OD2	1:A:251:ILE:CG2	0.50	2.57	15	1
1:A:293:TYR:CD1	1:A:293:TYR:C	0.50	2.90	18	2
1:A:235:ILE:HG12	1:A:300:PHE:CE2	0.50	2.42	19	1
1:A:124:MET:HE2	1:A:184:SER:CB	0.50	2.37	1	1
1:A:245:VAL:O	1:A:245:VAL:HG22	0.50	2.07	1	2
1:A:286:ARG:O	1:A:290:ARG:HB2	0.50	2.07	7	16
1:A:168:CYS:HB3	1:A:173:VAL:CG1	0.50	2.36	3	7
1:A:245:VAL:HG22	1:A:292:ILE:HD12	0.50	1.83	4	1
1:A:259:TYR:CB	1:A:316:LEU:HD11	0.50	2.36	4	1
1:A:293:TYR:CZ	1:A:314:PRO:HB2	0.50	2.42	4	1
1:A:224:LEU:HD12	1:A:267:GLU:CD	0.50	2.32	9	1
1:A:231:ALA:HA	1:A:234:HIS:CD2	0.50	2.41	10	1
1:A:269:ARG:HD3	1:A:274:ILE:HD12	0.50	1.82	13	1
1:A:173:VAL:N	1:A:270:THR:HG22	0.50	2.21	16	1
1:A:247:GLY:O	1:A:248:ARG:C	0.50	2.55	20	1
1:A:259:TYR:CG	1:A:274:ILE:HG12	0.50	2.42	19	6
1:A:259:TYR:CD1	1:A:274:ILE:HG12	0.50	2.42	7	3
1:A:151:LEU:CD1	1:A:159:ILE:HG12	0.50	2.37	11	4
1:A:297:PRO:HA	1:A:299:LEU:HD11	0.50	1.83	6	1
1:A:141:LEU:HD21	1:A:166:ILE:HG21	0.50	1.84	7	1
1:A:169:ARG:NH2	1:A:282:ASP:OD2	0.50	2.45	7	1
1:A:176:THR:CG2	1:A:263:GLN:OE1	0.50	2.59	7	2
1:A:168:CYS:SG	1:A:173:VAL:HG22	0.50	2.46	10	1
1:A:293:TYR:CD1	1:A:315:GLN:HB2	0.50	2.42	17	1
1:A:184:SER:O	1:A:185:ARG:CB	0.50	2.60	18	1
1:A:289:TYR:CE2	1:A:292:ILE:CG2	0.50	2.95	19	1
1:A:137:ARG:HB3	1:A:167:ALA:CB	0.50	2.37	18	6
1:A:202:LEU:O	1:A:202:LEU:HD12	0.50	2.06	2	2
1:A:232:ALA:HA	1:A:261:ALA:HB2	0.50	1.82	8	5
1:A:176:THR:HG21	1:A:316:LEU:OXT	0.50	2.06	2	2
1:A:302:THR:O	1:A:303:ASP:C	0.50	2.54	10	11
1:A:204:THR:CG2	1:A:206:VAL:CG2	0.50	2.90	3	1
1:A:150:SER:HB3	1:A:197:LEU:HD22	0.50	1.82	6	3
1:A:161:SER:HB3	1:A:191:ILE:HD13	0.50	1.83	10	2
1:A:129:ASN:OD1	1:A:129:ASN:N	0.50	2.45	17	1
1:A:169:ARG:O	1:A:271:GLN:CB	0.50	2.60	6	3
1:A:256:ALA:CB	1:A:288:SER:HB3	0.50	2.37	5	10
1:A:260:MET:HG2	1:A:289:TYR:CZ	0.50	2.42	1	4
1:A:297:PRO:C	1:A:299:LEU:HD12	0.50	2.32	1	1
1:A:199:LEU:N	1:A:199:LEU:CD2	0.50	2.66	16	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:271:GLN:NE2	1:A:282:ASP:OD1	0.50	2.45	6	1
1:A:297:PRO:CG	1:A:313:LEU:HD23	0.50	2.37	6	1
1:A:300:PHE:N	1:A:301:PRO:HD3	0.50	2.22	6	1
1:A:169:ARG:NH2	1:A:271:GLN:NE2	0.50	2.59	12	1
1:A:296:ALA:HB1	1:A:312:LYS:HB3	0.50	1.83	15	1
1:A:294:PRO:O	1:A:295:ARG:CG	0.50	2.60	17	1
1:A:266:ALA:CB	1:A:307:ASP:CG	0.50	2.84	20	2
1:A:124:MET:HB3	1:A:164:LEU:HD13	0.49	1.84	1	1
1:A:186:ILE:O	1:A:187:SER:C	0.49	2.53	5	16
1:A:203:GLU:O	1:A:204:THR:OG1	0.49	2.30	10	7
1:A:145:VAL:HG23	1:A:148:GLN:CG	0.49	2.37	3	1
1:A:177:PHE:CE1	1:A:181:CYS:HB2	0.49	2.42	10	6
1:A:213:ASP:HB3	1:A:280:VAL:CG2	0.49	2.37	15	2
1:A:260:MET:HE2	1:A:289:TYR:HH	0.49	1.66	9	1
1:A:252:SER:C	1:A:284:THR:OG1	0.49	2.55	13	1
1:A:177:PHE:CD2	1:A:180:ILE:HD11	0.49	2.41	2	2
1:A:219:CYS:HA	1:A:277:ILE:HG22	0.49	1.84	3	2
1:A:221:ASN:OD1	1:A:277:ILE:CD1	0.49	2.60	3	1
1:A:256:ALA:HB1	1:A:288:SER:CB	0.49	2.37	11	1
1:A:168:CYS:C	1:A:271:GLN:OE1	0.49	2.55	19	1
1:A:289:TYR:CD2	1:A:292:ILE:HG21	0.49	2.42	19	1
1:A:274:ILE:O	1:A:278:ALA:HB2	0.49	2.06	20	1
1:A:283:VAL:O	1:A:287:GLN:HB2	0.49	2.07	13	18
1:A:252:SER:HB3	1:A:284:THR:CB	0.49	2.37	16	4
1:A:165:TYR:CE1	1:A:177:PHE:HB2	0.49	2.42	4	3
1:A:245:VAL:O	1:A:245:VAL:CG2	0.49	2.57	5	5
1:A:260:MET:CE	1:A:264:ALA:HB2	0.49	2.38	13	2
1:A:295:ARG:O	1:A:295:ARG:CG	0.49	2.59	19	2
1:A:176:THR:CB	1:A:316:LEU:HB3	0.49	2.38	16	5
1:A:275:GLY:HA3	1:A:285:ILE:CD1	0.49	2.36	14	2
1:A:130:LEU:HD13	1:A:134:ILE:CG1	0.49	2.37	11	1
1:A:291:LEU:C	1:A:292:ILE:CG2	0.49	2.85	12	1
1:A:206:VAL:CG2	1:A:282:ASP:OD1	0.49	2.60	14	1
1:A:234:HIS:CE1	1:A:304:PHE:HB2	0.49	2.43	14	1
1:A:235:ILE:HD12	1:A:257:ALA:O	0.49	2.07	15	1
1:A:250:PRO:C	1:A:251:ILE:CG1	0.49	2.85	6	7
1:A:206:VAL:O	1:A:207:ASP:C	0.49	2.55	9	7
1:A:195:PHE:CD1	1:A:195:PHE:C	0.49	2.90	10	2
1:A:206:VAL:C	1:A:207:ASP:CG	0.49	2.81	9	2
1:A:297:PRO:HG3	1:A:313:LEU:CB	0.49	2.37	16	3
1:A:279:GLY:O	1:A:280:VAL:HB	0.49	2.08	18	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:148:GLN:OE1	1:A:148:GLN:CA	0.49	2.59	3	1
1:A:166:ILE:CG1	1:A:199:LEU:HD21	0.49	2.37	4	3
1:A:300:PHE:CE2	1:A:306:PHE:CE1	0.49	3.01	5	1
1:A:114:MET:HG3	1:A:146:TYR:CD2	0.49	2.43	9	3
1:A:228:VAL:CG2	1:A:265:SER:HB3	0.49	2.37	10	4
1:A:245:VAL:CB	1:A:246:PRO:CD	0.49	2.91	12	1
1:A:208:LEU:HD12	1:A:208:LEU:O	0.49	2.08	19	1
1:A:155:ALA:HB1	1:A:158:ALA:CB	0.49	2.37	20	5
1:A:263:GLN:HE21	1:A:313:LEU:HD21	0.49	1.66	1	1
1:A:293:TYR:CE2	1:A:315:GLN:N	0.49	2.80	2	2
1:A:284:THR:CG2	1:A:285:ILE:N	0.49	2.76	6	2
1:A:256:ALA:HB2	1:A:288:SER:HB2	0.49	1.83	14	2
1:A:271:GLN:OE1	1:A:271:GLN:CA	0.49	2.58	10	1
1:A:176:THR:HG1	1:A:316:LEU:HD23	0.49	1.67	13	1
1:A:313:LEU:CD1	1:A:313:LEU:O	0.49	2.58	14	1
1:A:169:ARG:CD	1:A:169:ARG:C	0.49	2.85	17	1
1:A:297:PRO:HB2	1:A:300:PHE:CD2	0.49	2.42	20	1
1:A:245:VAL:HG21	1:A:292:ILE:HD12	0.49	1.85	6	1
1:A:174:PRO:C	1:A:259:TYR:OH	0.49	2.56	5	6
1:A:214:PHE:CE2	1:A:251:ILE:CG1	0.49	2.96	3	1
1:A:265:SER:HB2	1:A:304:PHE:CE1	0.49	2.43	3	4
1:A:158:ALA:CA	1:A:191:ILE:HG12	0.49	2.38	5	1
1:A:260:MET:CE	1:A:297:PRO:HB3	0.49	2.38	8	4
1:A:118:PHE:O	1:A:122:THR:HG23	0.49	2.08	6	1
1:A:235:ILE:HG21	1:A:289:TYR:HH	0.49	1.67	8	1
1:A:240:VAL:HG13	1:A:241:GLU:N	0.49	2.23	11	2
1:A:114:MET:N	1:A:146:TYR:OH	0.49	2.45	14	1
1:A:238:LYS:CD	1:A:299:LEU:O	0.49	2.60	20	2
1:A:151:LEU:HD13	1:A:159:ILE:CG2	0.49	2.34	17	1
1:A:168:CYS:SG	1:A:173:VAL:HG21	0.49	2.48	17	1
1:A:306:PHE:O	1:A:307:ASP:C	0.49	2.56	16	16
1:A:310:VAL:O	1:A:311:ASP:C	0.49	2.56	19	15
1:A:141:LEU:HD21	1:A:163:CYS:HB3	0.49	1.84	4	1
1:A:151:LEU:HD12	1:A:159:ILE:CD1	0.49	2.38	6	1
1:A:213:ASP:HB3	1:A:251:ILE:CG2	0.49	2.38	14	3
1:A:313:LEU:CD2	1:A:313:LEU:C	0.49	2.77	15	1
1:A:223:CYS:CB	1:A:269:ARG:NH1	0.49	2.75	16	1
1:A:260:MET:HG2	1:A:289:TYR:CD2	0.49	2.42	17	1
1:A:235:ILE:CD1	1:A:260:MET:SD	0.49	2.98	18	1
1:A:275:GLY:HA2	1:A:285:ILE:CD1	0.49	2.38	19	1
1:A:169:ARG:NH2	1:A:203:GLU:O	0.49	2.45	20	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:128:ILE:HD11	1:A:180:ILE:HA	0.49	1.83	1	1
1:A:165:TYR:CZ	1:A:177:PHE:HB2	0.49	2.43	11	3
1:A:315:GLN:O	1:A:316:LEU:C	0.49	2.55	2	8
1:A:179:GLU:OE1	1:A:179:GLU:CA	0.49	2.61	2	2
1:A:304:PHE:O	1:A:305:LYS:C	0.49	2.55	11	9
1:A:270:THR:O	1:A:271:GLN:C	0.49	2.55	3	4
1:A:142:PHE:CD1	1:A:160:ALA:HB2	0.49	2.43	4	1
1:A:204:THR:HG23	1:A:205:SER:N	0.49	2.22	6	1
1:A:245:VAL:CG2	1:A:288:SER:HA	0.49	2.38	6	1
1:A:306:PHE:CE2	1:A:311:ASP:HA	0.49	2.43	7	4
1:A:218:PHE:HD1	1:A:277:ILE:HG22	0.49	1.59	12	1
1:A:310:VAL:HG21	1:A:313:LEU:HD11	0.49	1.84	12	1
1:A:265:SER:O	1:A:267:GLU:N	0.48	2.46	19	10
1:A:170:GLN:O	1:A:171:GLU:HB2	0.48	2.08	3	8
1:A:235:ILE:HG12	1:A:300:PHE:CD1	0.48	2.43	2	7
1:A:291:LEU:HD23	1:A:291:LEU:H	0.48	1.64	6	5
1:A:121:ILE:HG23	1:A:138:THR:HG21	0.48	1.82	17	2
1:A:124:MET:CE	1:A:164:LEU:CD1	0.48	2.91	4	1
1:A:137:ARG:HB2	1:A:167:ALA:CB	0.48	2.38	16	4
1:A:157:ASP:HB3	1:A:186:ILE:CD1	0.48	2.37	5	1
1:A:252:SER:HB2	1:A:284:THR:CB	0.48	2.38	11	2
1:A:260:MET:HB2	1:A:289:TYR:CE1	0.48	2.43	6	1
1:A:161:SER:HB2	1:A:191:ILE:HD13	0.48	1.85	8	2
1:A:260:MET:CE	1:A:313:LEU:HD12	0.48	2.38	18	1
1:A:276:ASP:O	1:A:277:ILE:C	0.48	2.56	18	1
1:A:199:LEU:O	1:A:203:GLU:N	0.48	2.45	19	1
1:A:297:PRO:HD3	1:A:313:LEU:N	0.48	2.23	2	7
1:A:171:GLU:CA	1:A:272:LYS:HB2	0.48	2.38	3	1
1:A:244:LEU:CD2	1:A:292:ILE:O	0.48	2.60	6	1
1:A:260:MET:HE2	1:A:300:PHE:CZ	0.48	2.42	6	1
1:A:199:LEU:CD2	1:A:199:LEU:N	0.48	2.74	11	1
1:A:231:ALA:HA	1:A:234:HIS:CE1	0.48	2.43	14	1
1:A:293:TYR:CE2	1:A:314:PRO:HG2	0.48	2.43	15	1
1:A:130:LEU:CD1	1:A:131:PRO:HD2	0.48	2.38	17	2
1:A:173:VAL:O	1:A:271:GLN:HG2	0.48	2.08	19	1
1:A:210:THR:CA	1:A:280:VAL:HG13	0.48	2.33	1	2
1:A:158:ALA:HB1	1:A:191:ILE:CG1	0.48	2.38	5	1
1:A:297:PRO:HD3	1:A:313:LEU:O	0.48	2.08	6	1
1:A:240:VAL:CG1	1:A:241:GLU:N	0.48	2.76	11	2
1:A:244:LEU:HB2	1:A:292:ILE:CD1	0.48	2.38	15	1
1:A:224:LEU:HD23	1:A:228:VAL:CG2	0.48	2.36	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:248:ARG:CG	1:A:283:VAL:HG13	0.48	2.38	17	1
1:A:191:ILE:HA	1:A:194:CYS:HG	0.48	1.69	19	5
1:A:262:SER:HB3	1:A:274:ILE:CD1	0.48	2.39	6	1
1:A:205:SER:O	1:A:206:VAL:C	0.48	2.57	15	2
1:A:206:VAL:O	1:A:207:ASP:CG	0.48	2.57	9	1
1:A:263:GLN:HE21	1:A:313:LEU:HD11	0.48	1.69	9	1
1:A:293:TYR:N	1:A:294:PRO:HD3	0.48	2.22	12	1
1:A:304:PHE:CD1	1:A:304:PHE:C	0.48	2.90	12	1
1:A:222:LEU:HD12	1:A:273:GLU:HG2	0.48	1.85	18	1
1:A:228:VAL:CG2	1:A:265:SER:OG	0.48	2.61	1	2
1:A:259:TYR:CZ	1:A:271:GLN:HG2	0.48	2.43	7	3
1:A:269:ARG:C	1:A:270:THR:OG1	0.48	2.57	19	8
1:A:130:LEU:HD22	1:A:134:ILE:HB	0.48	1.86	5	1
1:A:166:ILE:O	1:A:167:ALA:C	0.48	2.56	10	4
1:A:224:LEU:CG	1:A:225:PRO:HD2	0.48	2.38	17	1
1:A:193:ARG:O	1:A:194:CYS:C	0.48	2.56	16	5
1:A:245:VAL:N	1:A:246:PRO:HD3	0.48	2.24	4	5
1:A:235:ILE:HG23	1:A:300:PHE:CD1	0.48	2.43	11	2
1:A:277:ILE:O	1:A:277:ILE:CG2	0.48	2.61	20	5
1:A:114:MET:SD	1:A:146:TYR:CD2	0.48	3.07	6	2
1:A:165:TYR:CE1	1:A:177:PHE:N	0.48	2.81	6	2
1:A:294:PRO:O	1:A:295:ARG:HB2	0.48	2.09	10	5
1:A:310:VAL:CG2	1:A:311:ASP:N	0.48	2.76	20	2
1:A:234:HIS:CE1	1:A:235:ILE:CG1	0.48	2.97	10	1
1:A:244:LEU:HD22	1:A:292:ILE:HG13	0.48	1.85	15	1
1:A:169:ARG:O	1:A:271:GLN:CD	0.48	2.57	15	12
1:A:186:ILE:O	1:A:187:SER:O	0.48	2.32	13	19
1:A:135:VAL:O	1:A:139:ASN:CG	0.48	2.57	3	4
1:A:151:LEU:O	1:A:152:LYS:C	0.48	2.57	6	4
1:A:137:ARG:CB	1:A:167:ALA:CB	0.48	2.92	3	4
1:A:213:ASP:O	1:A:214:PHE:C	0.48	2.56	16	2
1:A:310:VAL:CG2	1:A:313:LEU:CD2	0.48	2.91	14	2
1:A:168:CYS:O	1:A:271:GLN:CB	0.48	2.61	5	2
1:A:314:PRO:O	1:A:315:GLN:CD	0.48	2.57	8	2
1:A:222:LEU:C	1:A:222:LEU:CD2	0.48	2.87	18	2
1:A:216:SER:O	1:A:229:GLN:NE2	0.48	2.47	18	1
1:A:289:TYR:HH	1:A:299:LEU:HD23	0.48	1.69	20	1
1:A:130:LEU:CD2	1:A:131:PRO:HD2	0.48	2.38	1	1
1:A:203:GLU:C	1:A:204:THR:OG1	0.48	2.57	5	10
1:A:273:GLU:OE1	1:A:273:GLU:N	0.48	2.46	1	1
1:A:232:ALA:CA	1:A:261:ALA:HB2	0.48	2.39	6	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:228:VAL:CG1	1:A:261:ALA:HB1	0.48	2.38	4	4
1:A:272:LYS:HG3	1:A:273:GLU:N	0.48	2.23	12	2
1:A:263:GLN:OE1	1:A:316:LEU:C	0.48	2.56	6	3
1:A:258:ILE:HG22	1:A:269:ARG:HH11	0.48	1.69	10	1
1:A:244:LEU:HD12	1:A:291:LEU:O	0.48	2.08	11	2
1:A:310:VAL:O	1:A:312:LYS:N	0.48	2.46	13	14
1:A:171:GLU:CG	1:A:272:LYS:HB2	0.48	2.39	8	6
1:A:222:LEU:HD13	1:A:269:ARG:HG3	0.48	1.86	7	1
1:A:310:VAL:CG2	1:A:313:LEU:HG	0.48	2.39	12	3
1:A:308:THR:HG22	1:A:310:VAL:CG2	0.48	2.39	9	1
1:A:284:THR:O	1:A:288:SER:OG	0.48	2.32	14	4
1:A:171:GLU:CB	1:A:272:LYS:HG3	0.48	2.39	15	1
1:A:173:VAL:HG21	1:A:179:GLU:HG3	0.48	1.84	15	1
1:A:130:LEU:HD12	1:A:134:ILE:CG1	0.48	2.39	16	1
1:A:185:ARG:O	1:A:185:ARG:CD	0.48	2.62	17	1
1:A:124:MET:HE2	1:A:184:SER:HB2	0.48	1.85	1	1
1:A:289:TYR:O	1:A:290:ARG:C	0.48	2.56	5	11
1:A:291:LEU:CD2	1:A:291:LEU:N	0.48	2.76	3	1
1:A:310:VAL:O	1:A:311:ASP:CG	0.48	2.57	19	2
1:A:170:GLN:O	1:A:171:GLU:CD	0.48	2.57	12	2
1:A:168:CYS:HB3	1:A:173:VAL:CG2	0.48	2.39	7	2
1:A:244:LEU:CB	1:A:292:ILE:HA	0.48	2.39	10	2
1:A:244:LEU:CD1	1:A:292:ILE:HG13	0.48	2.39	15	1
1:A:222:LEU:HD11	1:A:269:ARG:HB3	0.47	1.86	2	1
1:A:137:ARG:HB2	1:A:167:ALA:HB1	0.47	1.86	19	2
1:A:225:PRO:CG	1:A:267:GLU:HG2	0.47	2.40	11	3
1:A:130:LEU:HD13	1:A:134:ILE:CG2	0.47	2.37	11	2
1:A:173:VAL:HG23	1:A:259:TYR:HH	0.47	1.68	9	1
1:A:240:VAL:O	1:A:241:GLU:C	0.47	2.57	11	1
1:A:218:PHE:HB2	1:A:221:ASN:ND2	0.47	2.24	14	1
1:A:285:ILE:O	1:A:316:LEU:HD11	0.47	2.09	14	1
1:A:310:VAL:CB	1:A:313:LEU:HD13	0.47	2.38	20	1
1:A:151:LEU:HD22	1:A:159:ILE:CD1	0.47	2.39	1	3
1:A:177:PHE:O	1:A:178:LYS:C	0.47	2.57	4	11
1:A:311:ASP:O	1:A:312:LYS:HB2	0.47	2.09	1	8
1:A:245:VAL:HG12	1:A:291:LEU:HD21	0.47	1.85	2	1
1:A:244:LEU:O	1:A:291:LEU:O	0.47	2.32	6	5
1:A:204:THR:HG21	1:A:282:ASP:OD2	0.47	2.09	5	1
1:A:263:GLN:CD	1:A:313:LEU:CD1	0.47	2.80	5	1
1:A:206:VAL:O	1:A:208:LEU:HD23	0.47	2.09	19	2
1:A:244:LEU:CD1	1:A:292:ILE:HA	0.47	2.39	12	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:269:ARG:NH1	1:A:274:ILE:HD12	0.47	2.24	10	1
1:A:235:ILE:HG21	1:A:260:MET:CE	0.47	2.37	11	1
1:A:297:PRO:HB2	1:A:300:PHE:CD1	0.47	2.44	12	1
1:A:260:MET:CE	1:A:316:LEU:CD1	0.47	2.92	17	1
1:A:263:GLN:NE2	1:A:316:LEU:O	0.47	2.48	1	1
1:A:265:SER:HB3	1:A:304:PHE:CZ	0.47	2.45	5	2
1:A:305:LYS:O	1:A:306:PHE:HB2	0.47	2.09	11	11
1:A:256:ALA:O	1:A:316:LEU:CD1	0.47	2.60	2	2
1:A:269:ARG:NH1	1:A:273:GLU:O	0.47	2.48	12	3
1:A:228:VAL:HG13	1:A:265:SER:HG	0.47	1.66	5	1
1:A:293:TYR:OH	1:A:314:PRO:HA	0.47	2.09	13	2
1:A:293:TYR:CE1	1:A:313:LEU:O	0.47	2.67	12	1
1:A:253:VAL:N	1:A:288:SER:OG	0.47	2.47	14	1
1:A:313:LEU:O	1:A:315:GLN:OE1	0.47	2.31	17	1
1:A:262:SER:O	1:A:267:GLU:O	0.47	2.32	1	7
1:A:260:MET:SD	1:A:316:LEU:C	0.47	2.98	2	6
1:A:296:ALA:HB2	1:A:312:LYS:HD3	0.47	1.86	3	1
1:A:124:MET:SD	1:A:124:MET:C	0.47	2.97	4	1
1:A:292:ILE:O	1:A:299:LEU:HD11	0.47	2.10	9	1
1:A:248:ARG:CG	1:A:252:SER:HB3	0.47	2.39	10	1
1:A:214:PHE:O	1:A:215:MET:C	0.47	2.57	13	1
1:A:209:ILE:HD12	1:A:280:VAL:O	0.47	2.10	17	1
1:A:169:ARG:O	1:A:271:GLN:OE1	0.47	2.33	16	7
1:A:181:CYS:O	1:A:184:SER:O	0.47	2.33	18	17
1:A:209:ILE:O	1:A:211:THR:OG1	0.47	2.33	1	3
1:A:139:ASN:OD1	1:A:139:ASN:C	0.47	2.57	14	4
1:A:222:LEU:HD21	1:A:269:ARG:HH11	0.47	1.69	2	1
1:A:142:PHE:CD2	1:A:159:ILE:CG2	0.47	2.97	3	1
1:A:234:HIS:ND1	1:A:303:ASP:HB3	0.47	2.25	5	1
1:A:171:GLU:CD	1:A:171:GLU:O	0.47	2.57	8	3
1:A:210:THR:HG22	1:A:252:SER:OG	0.47	2.09	6	1
1:A:213:ASP:CB	1:A:278:ALA:O	0.47	2.62	6	1
1:A:263:GLN:OE1	1:A:315:GLN:O	0.47	2.33	6	1
1:A:260:MET:HB3	1:A:289:TYR:CE2	0.47	2.44	10	1
1:A:148:GLN:O	1:A:149:LYS:C	0.47	2.57	12	3
1:A:275:GLY:CA	1:A:285:ILE:HD11	0.47	2.40	14	1
1:A:120:GLU:CD	1:A:157:ASP:OD2	0.47	2.57	19	1
1:A:173:VAL:O	1:A:259:TYR:OH	0.47	2.32	10	11
1:A:278:ALA:O	1:A:279:GLY:C	0.47	2.56	18	10
1:A:264:ALA:HB3	1:A:300:PHE:CE2	0.47	2.45	5	1
1:A:271:GLN:CA	1:A:274:ILE:CG2	0.47	2.92	9	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:244:LEU:HD11	1:A:292:ILE:CA	0.47	2.37	9	3
1:A:298:ASP:O	1:A:300:PHE:N	0.47	2.48	16	3
1:A:300:PHE:CE1	1:A:304:PHE:CB	0.47	2.97	18	1
1:A:121:ILE:HG23	1:A:138:THR:CB	0.47	2.39	1	1
1:A:203:GLU:HG2	1:A:204:THR:N	0.47	2.25	1	1
1:A:225:PRO:CG	1:A:267:GLU:HG3	0.47	2.40	8	8
1:A:313:LEU:O	1:A:313:LEU:HD23	0.47	2.09	6	2
1:A:136:ASP:O	1:A:139:ASN:OD1	0.47	2.33	17	4
1:A:209:ILE:C	1:A:210:THR:OG1	0.47	2.57	2	3
1:A:252:SER:C	1:A:284:THR:HG23	0.47	2.34	2	5
1:A:292:ILE:HG23	1:A:299:LEU:CD2	0.47	2.40	2	2
1:A:245:VAL:CG2	1:A:246:PRO:HD2	0.47	2.40	3	1
1:A:289:TYR:CD1	1:A:293:TYR:CE2	0.47	3.03	3	1
1:A:271:GLN:OE1	1:A:271:GLN:O	0.47	2.33	16	3
1:A:174:PRO:CB	1:A:268:LYS:HB2	0.47	2.40	6	3
1:A:297:PRO:O	1:A:298:ASP:C	0.47	2.57	6	3
1:A:224:LEU:CD2	1:A:269:ARG:CD	0.47	2.92	7	1
1:A:316:LEU:O	1:A:316:LEU:HD23	0.47	2.10	7	1
1:A:195:PHE:CE2	1:A:199:LEU:CD2	0.47	2.94	15	3
1:A:306:PHE:CZ	1:A:310:VAL:CG1	0.47	2.98	11	1
1:A:293:TYR:OH	1:A:314:PRO:C	0.47	2.57	13	1
1:A:232:ALA:HB1	1:A:258:ILE:HA	0.47	1.86	20	3
1:A:130:LEU:HD12	1:A:134:ILE:HG13	0.47	1.86	16	1
1:A:275:GLY:O	1:A:278:ALA:HB3	0.47	2.09	16	1
1:A:222:LEU:HD12	1:A:273:GLU:CG	0.47	2.40	18	1
1:A:175:ARG:O	1:A:316:LEU:CD2	0.47	2.62	19	1
1:A:177:PHE:CE2	1:A:181:CYS:HB2	0.47	2.44	19	1
1:A:176:THR:OG1	1:A:316:LEU:HB2	0.47	2.10	5	5
1:A:284:THR:O	1:A:288:SER:HB3	0.47	2.10	10	13
1:A:248:ARG:O	1:A:249:SER:O	0.47	2.33	2	3
1:A:222:LEU:CD2	1:A:277:ILE:HD12	0.47	2.39	3	1
1:A:222:LEU:C	1:A:223:CYS:SG	0.47	2.98	20	2
1:A:166:ILE:HG12	1:A:199:LEU:CD2	0.47	2.39	9	4
1:A:114:MET:HB2	1:A:146:TYR:CE2	0.47	2.44	11	8
1:A:209:ILE:CG1	1:A:279:GLY:O	0.47	2.63	7	1
1:A:166:ILE:HG21	1:A:202:LEU:CD1	0.47	2.40	19	2
1:A:262:SER:HB2	1:A:274:ILE:CD1	0.47	2.40	9	1
1:A:165:TYR:O	1:A:169:ARG:CB	0.47	2.62	18	3
1:A:174:PRO:CG	1:A:268:LYS:HD3	0.47	2.40	10	1
1:A:122:THR:HA	1:A:135:VAL:HG13	0.47	1.86	11	1
1:A:293:TYR:CZ	1:A:296:ALA:HA	0.47	2.45	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:293:TYR:HB2	1:A:315:GLN:CB	0.47	2.39	17	1
1:A:171:GLU:CG	1:A:272:LYS:HE3	0.47	2.40	2	1
1:A:302:THR:O	1:A:304:PHE:N	0.47	2.48	10	7
1:A:121:ILE:HG13	1:A:160:ALA:HB1	0.47	1.86	20	3
1:A:171:GLU:HA	1:A:272:LYS:CB	0.47	2.39	3	1
1:A:175:ARG:C	1:A:259:TYR:CZ	0.47	2.93	3	1
1:A:221:ASN:OD1	1:A:221:ASN:C	0.47	2.57	3	1
1:A:206:VAL:HG13	1:A:207:ASP:H	0.47	1.68	16	5
1:A:114:MET:HB3	1:A:146:TYR:CE2	0.47	2.45	8	1
1:A:245:VAL:CG2	1:A:291:LEU:HG	0.47	2.40	8	2
1:A:277:ILE:O	1:A:278:ALA:C	0.47	2.57	9	2
1:A:151:LEU:CD2	1:A:194:CYS:SG	0.47	3.01	12	1
1:A:249:SER:O	1:A:252:SER:OG	0.47	2.33	20	4
1:A:259:TYR:CD2	1:A:316:LEU:HD23	0.47	2.45	1	2
1:A:260:MET:HG2	1:A:289:TYR:CE1	0.47	2.45	1	1
1:A:265:SER:HB3	1:A:304:PHE:CE1	0.47	2.45	5	2
1:A:212:GLY:O	1:A:278:ALA:O	0.47	2.34	17	4
1:A:124:MET:HA	1:A:183:VAL:CG2	0.47	2.39	4	4
1:A:165:TYR:CE2	1:A:177:PHE:HB2	0.47	2.45	5	4
1:A:244:LEU:O	1:A:244:LEU:CD1	0.47	2.63	6	1
1:A:124:MET:HE1	1:A:184:SER:CB	0.47	2.40	12	1
1:A:260:MET:HE1	1:A:300:PHE:CZ	0.47	2.44	12	1
1:A:222:LEU:HD23	1:A:222:LEU:H	0.47	1.63	13	1
1:A:114:MET:HA	1:A:146:TYR:CZ	0.47	2.45	14	1
1:A:224:LEU:HD23	1:A:269:ARG:HG3	0.47	1.84	14	1
1:A:138:THR:HG23	1:A:163:CYS:HB2	0.47	1.86	16	2
1:A:151:LEU:HD13	1:A:159:ILE:HG12	0.47	1.87	18	1
1:A:169:ARG:O	1:A:170:GLN:C	0.47	2.57	18	1
1:A:173:VAL:CG1	1:A:180:ILE:HG22	0.47	2.18	19	1
1:A:137:ARG:O	1:A:141:LEU:CD1	0.46	2.57	1	1
1:A:225:PRO:CD	1:A:267:GLU:HG3	0.46	2.40	9	6
1:A:265:SER:C	1:A:307:ASP:HB3	0.46	2.35	6	7
1:A:171:GLU:HG3	1:A:272:LYS:CE	0.46	2.39	2	1
1:A:224:LEU:HD23	1:A:269:ARG:HD3	0.46	1.87	2	1
1:A:239:ALA:HB2	1:A:299:LEU:CD2	0.46	2.35	17	2
1:A:287:GLN:O	1:A:287:GLN:OE1	0.46	2.33	3	1
1:A:228:VAL:CG1	1:A:261:ALA:CB	0.46	2.92	12	3
1:A:263:GLN:HE21	1:A:316:LEU:HD23	0.46	1.68	4	1
1:A:289:TYR:CD1	1:A:292:ILE:HG21	0.46	2.45	16	3
1:A:213:ASP:CB	1:A:251:ILE:HG22	0.46	2.40	14	2
1:A:252:SER:C	1:A:288:SER:OG	0.46	2.57	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:293:TYR:CE2	1:A:296:ALA:HA	0.46	2.44	15	1
1:A:168:CYS:O	1:A:173:VAL:CG2	0.46	2.63	16	1
1:A:262:SER:CA	1:A:267:GLU:O	0.46	2.63	18	1
1:A:128:ILE:C	1:A:129:ASN:CG	0.46	2.82	1	2
1:A:151:LEU:O	1:A:152:LYS:CD	0.46	2.63	2	1
1:A:263:GLN:OE1	1:A:316:LEU:OXT	0.46	2.34	5	3
1:A:293:TYR:O	1:A:293:TYR:CG	0.46	2.68	2	1
1:A:269:ARG:O	1:A:270:THR:CB	0.46	2.63	3	3
1:A:261:ALA:O	1:A:265:SER:OG	0.46	2.32	19	2
1:A:136:ASP:O	1:A:140:ASN:CG	0.46	2.58	6	1
1:A:235:ILE:O	1:A:239:ALA:HB2	0.46	2.10	13	3
1:A:124:MET:SD	1:A:164:LEU:CD2	0.46	3.03	14	2
1:A:259:TYR:C	1:A:316:LEU:HD21	0.46	2.35	9	1
1:A:218:PHE:CE1	1:A:278:ALA:HA	0.46	2.44	12	1
1:A:297:PRO:O	1:A:314:PRO:HG3	0.46	2.11	15	1
1:A:231:ALA:CB	1:A:304:PHE:CD1	0.46	2.99	17	1
1:A:235:ILE:HG13	1:A:300:PHE:CD2	0.46	2.45	19	1
1:A:247:GLY:O	1:A:252:SER:OG	0.46	2.33	3	2
1:A:265:SER:OG	1:A:265:SER:O	0.46	2.33	18	2
1:A:284:THR:O	1:A:288:SER:HB2	0.46	2.11	4	6
1:A:199:LEU:HD12	1:A:286:ARG:NH1	0.46	2.24	4	1
1:A:259:TYR:CE2	1:A:271:GLN:HA	0.46	2.45	4	1
1:A:299:LEU:HD13	1:A:299:LEU:H	0.46	1.68	4	1
1:A:263:GLN:OE1	1:A:316:LEU:O	0.46	2.32	11	5
1:A:284:THR:O	1:A:288:SER:N	0.46	2.49	6	2
1:A:219:CYS:O	1:A:273:GLU:O	0.46	2.33	11	1
1:A:171:GLU:HG2	1:A:272:LYS:CB	0.46	2.41	12	1
1:A:292:ILE:O	1:A:294:PRO:N	0.46	2.48	17	1
1:A:175:ARG:O	1:A:176:THR:HB	0.46	2.11	12	19
1:A:174:PRO:HA	1:A:259:TYR:OH	0.46	2.10	18	2
1:A:283:VAL:O	1:A:287:GLN:HB3	0.46	2.10	8	11
1:A:117:ALA:HB1	1:A:142:PHE:CE2	0.46	2.44	7	2
1:A:279:GLY:O	1:A:280:VAL:C	0.46	2.57	8	1
1:A:260:MET:HE1	1:A:300:PHE:CE1	0.46	2.45	12	1
1:A:310:VAL:O	1:A:310:VAL:CG1	0.46	2.57	17	1
1:A:142:PHE:O	1:A:146:TYR:N	0.46	2.49	1	18
1:A:171:GLU:CB	1:A:272:LYS:HB2	0.46	2.41	15	7
1:A:173:VAL:O	1:A:271:GLN:OE1	0.46	2.33	2	2
1:A:260:MET:CB	1:A:289:TYR:CZ	0.46	2.98	11	1
1:A:256:ALA:O	1:A:260:MET:SD	0.46	2.74	16	1
1:A:259:TYR:O	1:A:263:GLN:OE1	0.46	2.34	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:269:ARG:NE	1:A:269:ARG:HA	0.46	2.25	19	1
1:A:287:GLN:OE1	1:A:287:GLN:O	0.46	2.33	19	1
1:A:124:MET:HE2	1:A:184:SER:OG	0.46	2.10	2	1
1:A:142:PHE:CD1	1:A:146:TYR:HB2	0.46	2.45	2	1
1:A:190:GLU:O	1:A:194:CYS:SG	0.46	2.74	2	15
1:A:312:LYS:O	1:A:312:LYS:CG	0.46	2.63	18	3
1:A:171:GLU:HA	1:A:272:LYS:HB2	0.46	1.88	3	1
1:A:263:GLN:O	1:A:263:GLN:NE2	0.46	2.49	3	1
1:A:151:LEU:HG	1:A:159:ILE:HD11	0.46	1.87	4	1
1:A:151:LEU:HG	1:A:159:ILE:CD1	0.46	2.40	8	2
1:A:166:ILE:O	1:A:170:GLN:HG2	0.46	2.11	4	2
1:A:314:PRO:C	1:A:315:GLN:CG	0.46	2.86	6	1
1:A:256:ALA:HB2	1:A:288:SER:OG	0.46	2.10	12	1
1:A:260:MET:O	1:A:263:GLN:HG3	0.46	2.11	15	1
1:A:169:ARG:NH1	1:A:286:ARG:HG2	0.46	2.26	18	1
1:A:207:ASP:HA	1:A:281:ALA:CB	0.46	2.41	6	12
1:A:272:LYS:O	1:A:276:ASP:HB3	0.46	2.11	4	14
1:A:151:LEU:O	1:A:153:GLY:N	0.46	2.48	2	1
1:A:179:GLU:OE1	1:A:179:GLU:O	0.46	2.33	2	2
1:A:186:ILE:O	1:A:188:LYS:N	0.46	2.48	5	1
1:A:169:ARG:NE	1:A:170:GLN:HG2	0.46	2.26	6	1
1:A:235:ILE:HG21	1:A:260:MET:CG	0.46	2.41	6	1
1:A:271:GLN:O	1:A:271:GLN:NE2	0.46	2.48	8	1
1:A:290:ARG:C	1:A:291:LEU:HD23	0.46	2.34	8	1
1:A:207:ASP:OD1	1:A:248:ARG:NH2	0.46	2.49	10	1
1:A:269:ARG:HB3	1:A:274:ILE:CD1	0.46	2.41	12	1
1:A:223:CYS:O	1:A:267:GLU:OE2	0.46	2.34	16	1
1:A:224:LEU:CD2	1:A:269:ARG:NE	0.46	2.79	19	1
1:A:247:GLY:O	1:A:249:SER:O	0.46	2.34	20	1
1:A:164:LEU:O	1:A:168:CYS:SG	0.46	2.74	7	11
1:A:224:LEU:CD1	1:A:225:PRO:HD2	0.46	2.41	8	6
1:A:252:SER:HB2	1:A:284:THR:OG1	0.46	2.10	13	9
1:A:266:ALA:N	1:A:307:ASP:HB3	0.46	2.26	16	5
1:A:202:LEU:HD12	1:A:202:LEU:C	0.46	2.35	2	1
1:A:218:PHE:CD1	1:A:277:ILE:O	0.46	2.69	2	1
1:A:260:MET:SD	1:A:263:GLN:OE1	0.46	2.74	2	2
1:A:315:GLN:O	1:A:316:LEU:OXT	0.46	2.33	19	2
1:A:289:TYR:O	1:A:293:TYR:CZ	0.46	2.69	4	1
1:A:178:LYS:O	1:A:181:CYS:SG	0.46	2.74	9	2
1:A:179:GLU:OE2	1:A:179:GLU:O	0.46	2.34	10	2
1:A:165:TYR:O	1:A:168:CYS:SG	0.46	2.74	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:260:MET:HB3	1:A:316:LEU:O	0.46	2.11	11	1
1:A:165:TYR:OH	1:A:316:LEU:HD23	0.46	2.11	13	1
1:A:214:PHE:CZ	1:A:251:ILE:HG13	0.46	2.46	13	1
1:A:130:LEU:CD2	1:A:168:CYS:SG	0.46	3.04	18	1
1:A:147:GLU:O	1:A:148:GLN:O	0.46	2.34	1	1
1:A:151:LEU:C	1:A:152:LYS:HD2	0.46	2.36	2	1
1:A:235:ILE:HD13	1:A:260:MET:CG	0.46	2.41	6	1
1:A:260:MET:SD	1:A:316:LEU:OXT	0.46	2.74	6	1
1:A:144:GLN:HG3	1:A:145:VAL:N	0.46	2.26	7	1
1:A:203:GLU:O	1:A:204:THR:C	0.46	2.58	15	3
1:A:264:ALA:HB2	1:A:313:LEU:CD2	0.46	2.38	11	1
1:A:171:GLU:CG	1:A:272:LYS:HA	0.46	2.40	12	1
1:A:176:THR:CB	1:A:316:LEU:HB2	0.46	2.41	12	1
1:A:245:VAL:CB	1:A:246:PRO:HD3	0.46	2.41	12	1
1:A:245:VAL:HA	1:A:292:ILE:HG22	0.46	1.87	12	1
1:A:313:LEU:HD23	1:A:313:LEU:O	0.46	2.11	15	1
1:A:151:LEU:O	1:A:159:ILE:HD11	0.46	2.11	17	1
1:A:169:ARG:HD2	1:A:271:GLN:NE2	0.46	2.25	18	1
1:A:213:ASP:OD2	1:A:254:ALA:HB3	0.46	2.11	19	1
1:A:213:ASP:CB	1:A:280:VAL:HG23	0.46	2.41	20	1
1:A:140:ASN:O	1:A:144:GLN:CD	0.46	2.59	3	2
1:A:128:ILE:HG21	1:A:130:LEU:HD11	0.46	1.88	4	1
1:A:138:THR:HG21	1:A:164:LEU:CD1	0.46	2.41	4	1
1:A:278:ALA:HB1	1:A:280:VAL:HG23	0.46	1.88	4	3
1:A:289:TYR:HA	1:A:292:ILE:CG2	0.46	2.41	15	5
1:A:112:ARG:O	1:A:113:ALA:C	0.46	2.58	5	1
1:A:245:VAL:HB	1:A:292:ILE:CG1	0.46	2.40	6	1
1:A:114:MET:HG3	1:A:118:PHE:CE2	0.46	2.46	12	1
1:A:260:MET:O	1:A:260:MET:HE2	0.46	2.11	12	1
1:A:295:ARG:HB2	1:A:295:ARG:CZ	0.46	2.41	15	1
1:A:120:GLU:O	1:A:124:MET:HG3	0.46	2.11	18	3
1:A:266:ALA:CB	1:A:307:ASP:OD1	0.46	2.64	17	1
1:A:235:ILE:CG2	1:A:289:TYR:HH	0.46	2.24	20	1
1:A:245:VAL:CG2	1:A:288:SER:C	0.46	2.89	20	1
1:A:260:MET:SD	1:A:316:LEU:O	0.45	2.74	3	4
1:A:166:ILE:O	1:A:169:ARG:CG	0.45	2.63	7	2
1:A:250:PRO:O	1:A:251:ILE:HB	0.45	2.11	12	7
1:A:304:PHE:C	1:A:306:PHE:N	0.45	2.74	17	8
1:A:171:GLU:HB2	1:A:272:LYS:CB	0.45	2.41	3	1
1:A:235:ILE:HD11	1:A:304:PHE:HD2	0.45	1.63	3	1
1:A:263:GLN:OE1	1:A:313:LEU:HD12	0.45	2.11	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:130:LEU:HD13	1:A:134:ILE:HB	0.45	1.87	5	1
1:A:209:ILE:O	1:A:210:THR:OG1	0.45	2.34	5	1
1:A:175:ARG:HG2	1:A:263:GLN:CB	0.45	2.41	7	2
1:A:258:ILE:CG2	1:A:274:ILE:HG13	0.45	2.41	9	1
1:A:174:PRO:HG2	1:A:268:LYS:CG	0.45	2.40	10	1
1:A:260:MET:HG3	1:A:261:ALA:N	0.45	2.24	12	2
1:A:289:TYR:CE1	1:A:314:PRO:CB	0.45	2.99	15	1
1:A:260:MET:SD	1:A:260:MET:O	0.45	2.74	19	1
1:A:245:VAL:CG1	1:A:292:ILE:HB	0.45	2.41	4	1
1:A:260:MET:SD	1:A:316:LEU:N	0.45	2.89	5	1
1:A:292:ILE:HD12	1:A:299:LEU:HG	0.45	1.87	5	1
1:A:156:ASN:OD1	1:A:157:ASP:OD1	0.45	2.34	6	1
1:A:263:GLN:NE2	1:A:313:LEU:HG	0.45	2.27	7	1
1:A:314:PRO:O	1:A:315:GLN:NE2	0.45	2.49	8	1
1:A:264:ALA:O	1:A:306:PHE:HA	0.45	2.11	9	3
1:A:176:THR:OG1	1:A:316:LEU:HB3	0.45	2.11	18	5
1:A:134:ILE:CD1	1:A:171:GLU:HG2	0.45	2.40	11	1
1:A:124:MET:SD	1:A:164:LEU:HD21	0.45	2.51	14	1
1:A:306:PHE:CE1	1:A:313:LEU:HD11	0.45	2.45	18	1
1:A:175:ARG:CB	1:A:263:GLN:HB3	0.45	2.41	7	4
1:A:310:VAL:C	1:A:312:LYS:N	0.45	2.75	14	14
1:A:266:ALA:N	1:A:307:ASP:HB2	0.45	2.26	5	7
1:A:247:GLY:O	1:A:252:SER:CB	0.45	2.64	3	1
1:A:252:SER:HB3	1:A:284:THR:CG2	0.45	2.41	3	1
1:A:308:THR:CG2	1:A:309:PRO:HD2	0.45	2.40	6	4
1:A:310:VAL:CG1	1:A:313:LEU:HB3	0.45	2.40	6	1
1:A:269:ARG:HA	1:A:269:ARG:NE	0.45	2.25	16	3
1:A:222:LEU:O	1:A:223:CYS:SG	0.45	2.75	16	1
1:A:270:THR:OG1	1:A:273:GLU:HG2	0.45	2.11	20	1
1:A:303:ASP:O	1:A:304:PHE:C	0.45	2.58	8	3
1:A:293:TYR:CD2	1:A:315:GLN:CA	0.45	3.00	2	1
1:A:175:ARG:CD	1:A:179:GLU:HG3	0.45	2.41	3	2
1:A:141:LEU:C	1:A:141:LEU:CD1	0.45	2.86	4	1
1:A:141:LEU:CD1	1:A:163:CYS:SG	0.45	2.98	4	1
1:A:260:MET:O	1:A:263:GLN:HG2	0.45	2.10	8	2
1:A:235:ILE:HG23	1:A:300:PHE:CE2	0.45	2.46	7	2
1:A:289:TYR:CD2	1:A:316:LEU:HA	0.45	2.45	7	2
1:A:148:GLN:OE1	1:A:197:LEU:HD23	0.45	2.12	9	2
1:A:207:ASP:OD1	1:A:248:ARG:CD	0.45	2.65	10	1
1:A:222:LEU:O	1:A:222:LEU:CD2	0.45	2.59	12	1
1:A:238:LYS:HB2	1:A:299:LEU:O	0.45	2.11	12	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:292:ILE:HG13	1:A:293:TYR:CD2	0.45	2.45	12	1
1:A:176:THR:HB	1:A:263:GLN:NE2	0.45	2.25	15	1
1:A:168:CYS:O	1:A:173:VAL:HG22	0.45	2.12	16	1
1:A:224:LEU:HD11	1:A:269:ARG:CG	0.45	2.41	17	1
1:A:234:HIS:CG	1:A:303:ASP:CG	0.45	2.94	17	1
1:A:245:VAL:HG22	1:A:292:ILE:HG13	0.45	1.85	17	1
1:A:174:PRO:CG	1:A:268:LYS:HB2	0.45	2.42	19	1
1:A:177:PHE:CD1	1:A:180:ILE:CD1	0.45	2.99	19	1
1:A:224:LEU:HD13	1:A:225:PRO:O	0.45	2.11	3	2
1:A:310:VAL:CG1	1:A:311:ASP:N	0.45	2.78	7	2
1:A:308:THR:HG21	1:A:310:VAL:HG13	0.45	1.83	12	1
1:A:310:VAL:CB	1:A:313:LEU:HG	0.45	2.41	12	1
1:A:120:GLU:OE2	1:A:157:ASP:OD1	0.45	2.34	13	1
1:A:260:MET:O	1:A:260:MET:SD	0.45	2.74	14	1
1:A:244:LEU:HB3	1:A:292:ILE:CG2	0.45	2.38	17	1
1:A:171:GLU:OE1	1:A:272:LYS:CD	0.45	2.65	18	1
1:A:178:LYS:HD2	1:A:314:PRO:CG	0.45	2.41	18	1
1:A:130:LEU:CD1	1:A:172:GLY:O	0.45	2.57	1	1
1:A:169:ARG:O	1:A:271:GLN:HB3	0.45	2.11	6	4
1:A:165:TYR:O	1:A:169:ARG:HG3	0.45	2.12	18	4
1:A:225:PRO:HG3	1:A:267:GLU:CD	0.45	2.36	5	4
1:A:222:LEU:CD2	1:A:222:LEU:O	0.45	2.64	7	1
1:A:300:PHE:CD1	1:A:300:PHE:N	0.45	2.85	10	1
1:A:257:ALA:HA	1:A:260:MET:CG	0.45	2.42	11	1
1:A:260:MET:HB2	1:A:289:TYR:CZ	0.45	2.46	11	1
1:A:248:ARG:HG2	1:A:284:THR:CB	0.45	2.42	13	1
1:A:286:ARG:O	1:A:290:ARG:HB3	0.45	2.11	13	2
1:A:252:SER:OG	1:A:284:THR:HA	0.45	2.12	15	1
1:A:263:GLN:O	1:A:308:THR:HG21	0.45	2.12	15	1
1:A:264:ALA:O	1:A:306:PHE:HB2	0.45	2.11	15	1
1:A:162:ALA:CB	1:A:195:PHE:HA	0.45	2.42	16	1
1:A:252:SER:HA	1:A:280:VAL:CG1	0.45	2.42	20	2
1:A:232:ALA:CB	1:A:258:ILE:HA	0.45	2.42	12	17
1:A:235:ILE:HG23	1:A:300:PHE:CE1	0.45	2.46	2	2
1:A:252:SER:HB3	1:A:284:THR:OG1	0.45	2.12	10	6
1:A:314:PRO:O	1:A:315:GLN:OE1	0.45	2.33	4	1
1:A:158:ALA:HB1	1:A:191:ILE:HG13	0.45	1.88	5	1
1:A:288:SER:O	1:A:292:ILE:HB	0.45	2.12	11	2
1:A:283:VAL:O	1:A:287:GLN:HG3	0.45	2.12	11	4
1:A:163:CYS:CA	1:A:166:ILE:HG12	0.45	2.42	12	3
1:A:224:LEU:HD22	1:A:269:ARG:HD3	0.45	1.88	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:204:THR:O	1:A:205:SER:HB2	0.45	2.12	11	2
1:A:266:ALA:HB3	1:A:307:ASP:HB3	0.45	1.89	11	2
1:A:235:ILE:CD1	1:A:260:MET:HG3	0.45	2.40	13	1
1:A:171:GLU:OE1	1:A:171:GLU:O	0.45	2.34	16	1
1:A:234:HIS:NE2	1:A:303:ASP:OD1	0.45	2.50	17	1
1:A:245:VAL:HG21	1:A:292:ILE:HD11	0.45	1.85	17	1
1:A:166:ILE:O	1:A:169:ARG:HG2	0.45	2.12	7	6
1:A:204:THR:HG22	1:A:206:VAL:CG2	0.45	2.41	3	1
1:A:140:ASN:O	1:A:143:LYS:CG	0.45	2.65	4	1
1:A:237:ARG:O	1:A:241:GLU:CB	0.45	2.65	4	1
1:A:173:VAL:CG2	1:A:174:PRO:HD2	0.45	2.40	5	1
1:A:306:PHE:CE1	1:A:310:VAL:HG12	0.45	2.45	7	1
1:A:203:GLU:C	1:A:204:THR:HG1	0.45	2.20	9	3
1:A:222:LEU:N	1:A:273:GLU:OE1	0.45	2.49	11	1
1:A:114:MET:CA	1:A:146:TYR:OH	0.45	2.65	14	1
1:A:191:ILE:O	1:A:195:PHE:HB2	0.45	2.12	14	8
1:A:289:TYR:CB	1:A:316:LEU:HA	0.45	2.42	6	2
1:A:265:SER:C	1:A:267:GLU:N	0.45	2.75	15	10
1:A:138:THR:N	1:A:167:ALA:HB2	0.45	2.27	3	1
1:A:232:ALA:CB	1:A:261:ALA:HB2	0.45	2.41	4	3
1:A:113:ALA:HB1	1:A:156:ASN:CG	0.45	2.36	4	1
1:A:273:GLU:HA	1:A:277:ILE:CG1	0.45	2.42	6	4
1:A:297:PRO:C	1:A:299:LEU:N	0.45	2.75	8	3
1:A:225:PRO:CD	1:A:267:GLU:HG2	0.45	2.41	11	4
1:A:260:MET:HE1	1:A:297:PRO:HB3	0.45	1.89	20	1
1:A:138:THR:HG23	1:A:164:LEU:HD22	0.45	1.89	2	3
1:A:193:ARG:O	1:A:197:LEU:HD12	0.45	2.12	15	2
1:A:213:ASP:OD1	1:A:278:ALA:O	0.45	2.33	8	1
1:A:244:LEU:CD1	1:A:293:TYR:N	0.45	2.68	9	1
1:A:310:VAL:HG23	1:A:311:ASP:H	0.45	1.72	12	1
1:A:165:TYR:CE1	1:A:169:ARG:CG	0.45	3.00	13	1
1:A:207:ASP:OD2	1:A:283:VAL:HG11	0.45	2.12	15	1
1:A:120:GLU:OE1	1:A:160:ALA:CB	0.45	2.64	18	1
1:A:234:HIS:CE1	1:A:303:ASP:OD2	0.45	2.70	19	1
1:A:198:ILE:O	1:A:202:LEU:HD11	0.44	2.12	2	1
1:A:134:ILE:HD12	1:A:167:ALA:O	0.44	2.11	3	2
1:A:293:TYR:OH	1:A:315:GLN:N	0.44	2.50	3	1
1:A:297:PRO:C	1:A:299:LEU:HD22	0.44	2.37	4	1
1:A:160:ALA:O	1:A:161:SER:C	0.44	2.60	11	9
1:A:244:LEU:HB3	1:A:292:ILE:HA	0.44	1.89	5	3
1:A:141:LEU:HD22	1:A:166:ILE:HD12	0.44	1.89	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:206:VAL:CG2	1:A:282:ASP:OD2	0.44	2.62	15	1
1:A:260:MET:HB2	1:A:316:LEU:HD13	0.44	1.89	15	1
1:A:269:ARG:NE	1:A:274:ILE:HD12	0.44	2.27	17	1
1:A:207:ASP:CG	1:A:207:ASP:O	0.44	2.59	19	1
1:A:295:ARG:O	1:A:295:ARG:CD	0.44	2.65	1	1
1:A:171:GLU:O	1:A:171:GLU:OE2	0.44	2.35	2	1
1:A:209:ILE:N	1:A:209:ILE:CD1	0.44	2.79	8	2
1:A:270:THR:O	1:A:274:ILE:HB	0.44	2.12	13	8
1:A:306:PHE:C	1:A:308:THR:N	0.44	2.73	12	10
1:A:209:ILE:C	1:A:211:THR:N	0.44	2.75	17	10
1:A:289:TYR:HB2	1:A:316:LEU:CD1	0.44	2.42	5	2
1:A:176:THR:OG1	1:A:315:GLN:O	0.44	2.33	4	3
1:A:169:ARG:NH1	1:A:170:GLN:OE1	0.44	2.50	5	1
1:A:285:ILE:CG2	1:A:316:LEU:HD21	0.44	2.39	15	2
1:A:292:ILE:CD1	1:A:299:LEU:HG	0.44	2.43	5	1
1:A:120:GLU:O	1:A:124:MET:SD	0.44	2.75	6	3
1:A:230:MET:HG3	1:A:234:HIS:NE2	0.44	2.27	19	2
1:A:269:ARG:CB	1:A:274:ILE:HD12	0.44	2.43	9	1
1:A:112:ARG:O	1:A:116:ASN:OD1	0.44	2.35	12	1
1:A:213:ASP:OD1	1:A:278:ALA:CB	0.44	2.62	12	1
1:A:263:GLN:HG2	1:A:313:LEU:CD2	0.44	2.42	18	1
1:A:208:LEU:HG	1:A:209:ILE:HD12	0.44	1.89	19	1
1:A:138:THR:CG2	1:A:164:LEU:HG	0.44	2.41	1	1
1:A:165:TYR:HB2	1:A:180:ILE:CD1	0.44	2.43	14	14
1:A:302:THR:C	1:A:304:PHE:N	0.44	2.76	14	8
1:A:283:VAL:O	1:A:287:GLN:HG2	0.44	2.12	3	1
1:A:252:SER:O	1:A:284:THR:HG23	0.44	2.12	18	5
1:A:296:ALA:CB	1:A:312:LYS:HB3	0.44	2.43	6	2
1:A:147:GLU:CD	1:A:147:GLU:N	0.44	2.76	7	1
1:A:293:TYR:N	1:A:294:PRO:CD	0.44	2.80	12	1
1:A:197:LEU:CD1	1:A:198:ILE:HG13	0.44	2.41	13	1
1:A:231:ALA:CA	1:A:234:HIS:CE1	0.44	3.01	14	1
1:A:165:TYR:O	1:A:169:ARG:HB3	0.44	2.12	4	7
1:A:179:GLU:OE1	1:A:179:GLU:HA	0.44	2.13	2	2
1:A:270:THR:O	1:A:274:ILE:CB	0.44	2.65	2	6
1:A:313:LEU:N	1:A:313:LEU:CD2	0.44	2.80	6	2
1:A:177:PHE:CE1	1:A:180:ILE:CD1	0.44	2.86	19	2
1:A:193:ARG:O	1:A:196:LYS:HG2	0.44	2.13	5	1
1:A:224:LEU:CD2	1:A:269:ARG:HD3	0.44	2.42	7	2
1:A:312:LYS:O	1:A:314:PRO:N	0.44	2.49	9	4
1:A:202:LEU:O	1:A:203:GLU:C	0.44	2.60	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:178:LYS:CA	1:A:315:GLN:HG3	0.44	2.42	9	1
1:A:242:LEU:O	1:A:243:ASP:C	0.44	2.61	19	2
1:A:269:ARG:HD3	1:A:274:ILE:CD1	0.44	2.42	17	3
1:A:161:SER:OG	1:A:184:SER:CB	0.44	2.66	11	1
1:A:252:SER:OG	1:A:284:THR:OG1	0.44	2.34	12	2
1:A:269:ARG:HG3	1:A:270:THR:N	0.44	2.26	12	1
1:A:315:GLN:O	1:A:316:LEU:O	0.44	2.34	18	2
1:A:222:LEU:CD2	1:A:269:ARG:NH1	0.44	2.78	14	1
1:A:263:GLN:HE21	1:A:316:LEU:HD12	0.44	1.71	15	1
1:A:146:TYR:CD2	1:A:147:GLU:CD	0.44	2.95	17	1
1:A:219:CYS:HA	1:A:277:ILE:CG2	0.44	2.43	7	3
1:A:114:MET:HG3	1:A:118:PHE:CZ	0.44	2.47	6	1
1:A:297:PRO:HB2	1:A:300:PHE:CE1	0.44	2.48	9	1
1:A:168:CYS:HB2	1:A:173:VAL:CG2	0.44	2.43	11	2
1:A:224:LEU:CD1	1:A:269:ARG:HD2	0.44	2.42	10	2
1:A:273:GLU:HA	1:A:277:ILE:CD1	0.44	2.42	13	4
1:A:234:HIS:CB	1:A:303:ASP:OD2	0.44	2.65	14	1
1:A:244:LEU:HD13	1:A:292:ILE:HG23	0.44	1.89	17	1
1:A:273:GLU:OE1	1:A:273:GLU:CA	0.44	2.64	1	1
1:A:169:ARG:HG3	1:A:170:GLN:N	0.44	2.27	15	5
1:A:228:VAL:HG12	1:A:261:ALA:HB3	0.44	1.88	19	3
1:A:244:LEU:HB3	1:A:292:ILE:HG12	0.44	1.90	2	1
1:A:118:PHE:O	1:A:122:THR:HG22	0.44	2.13	3	2
1:A:259:TYR:HA	1:A:274:ILE:CD1	0.44	2.43	18	10
1:A:281:ALA:HB1	1:A:283:VAL:HG12	0.44	1.90	3	2
1:A:259:TYR:CB	1:A:274:ILE:HG12	0.44	2.43	10	10
1:A:260:MET:HE2	1:A:300:PHE:HZ	0.44	1.71	13	2
1:A:313:LEU:O	1:A:313:LEU:CD2	0.44	2.66	6	1
1:A:244:LEU:HD13	1:A:292:ILE:CA	0.44	2.43	10	1
1:A:235:ILE:HG12	1:A:300:PHE:CG	0.44	2.48	11	1
1:A:289:TYR:CG	1:A:292:ILE:HD11	0.44	2.47	12	1
1:A:313:LEU:CD2	1:A:313:LEU:O	0.44	2.65	15	1
1:A:193:ARG:NH1	1:A:193:ARG:HG2	0.44	2.28	19	1
1:A:293:TYR:OH	1:A:314:PRO:O	0.44	2.33	19	1
1:A:234:HIS:ND1	1:A:303:ASP:HB2	0.44	2.28	20	1
1:A:151:LEU:O	1:A:152:LYS:CG	0.44	2.66	2	1
1:A:248:ARG:HA	1:A:248:ARG:NE	0.44	2.28	2	1
1:A:161:SER:OG	1:A:184:SER:OG	0.44	2.33	3	2
1:A:168:CYS:HB3	1:A:173:VAL:CB	0.44	2.43	3	1
1:A:220:SER:CB	1:A:224:LEU:HB3	0.44	2.43	14	2
1:A:270:THR:C	1:A:272:LYS:N	0.44	2.76	11	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:206:VAL:HG22	1:A:207:ASP:H	0.44	1.73	17	5
1:A:130:LEU:C	1:A:130:LEU:CD1	0.44	2.89	5	1
1:A:245:VAL:HB	1:A:292:ILE:CB	0.44	2.42	6	2
1:A:310:VAL:HB	1:A:313:LEU:HB3	0.44	1.89	6	1
1:A:313:LEU:HD23	1:A:313:LEU:N	0.44	2.28	6	1
1:A:171:GLU:HB2	1:A:272:LYS:CG	0.44	2.43	19	2
1:A:297:PRO:CB	1:A:300:PHE:CZ	0.44	3.01	9	1
1:A:195:PHE:CD2	1:A:199:LEU:HD11	0.44	2.47	14	1
1:A:315:GLN:O	1:A:316:LEU:HB2	0.44	2.13	17	3
1:A:116:ASN:O	1:A:120:GLU:OE1	0.44	2.35	17	1
1:A:248:ARG:HD2	1:A:283:VAL:CG1	0.44	2.43	2	1
1:A:168:CYS:SG	1:A:173:VAL:HG12	0.44	2.53	5	1
1:A:141:LEU:HD21	1:A:202:LEU:HD21	0.44	1.88	7	1
1:A:209:ILE:CD1	1:A:279:GLY:O	0.44	2.61	8	1
1:A:114:MET:SD	1:A:114:MET:C	0.44	3.01	10	1
1:A:208:LEU:HG	1:A:209:ILE:CD1	0.44	2.43	19	1
1:A:264:ALA:HB3	1:A:304:PHE:CE2	0.44	2.48	19	1
1:A:120:GLU:OE2	1:A:157:ASP:OD2	0.44	2.35	1	1
1:A:145:VAL:CG2	1:A:148:GLN:NE2	0.44	2.78	1	1
1:A:168:CYS:O	1:A:173:VAL:HG12	0.44	2.12	4	2
1:A:225:PRO:HD3	1:A:267:GLU:CD	0.44	2.37	20	3
1:A:175:ARG:N	1:A:259:TYR:CE1	0.44	2.86	3	2
1:A:124:MET:HB2	1:A:183:VAL:HG21	0.44	1.90	4	1
1:A:213:ASP:HB3	1:A:278:ALA:HB1	0.44	1.89	8	1
1:A:206:VAL:C	1:A:207:ASP:OD1	0.44	2.60	9	1
1:A:238:LYS:HB3	1:A:299:LEU:O	0.44	2.13	10	3
1:A:148:GLN:O	1:A:149:LYS:CB	0.44	2.65	10	1
1:A:245:VAL:CG1	1:A:292:ILE:HG13	0.44	2.42	11	2
1:A:263:GLN:OE1	1:A:313:LEU:CD2	0.44	2.65	11	1
1:A:252:SER:CB	1:A:280:VAL:CG1	0.44	2.95	13	1
1:A:121:ILE:HG21	1:A:139:ASN:N	0.44	2.28	15	4
1:A:287:GLN:O	1:A:291:LEU:HB3	0.44	2.13	15	2
1:A:124:MET:CB	1:A:164:LEU:HG	0.44	2.43	16	2
1:A:169:ARG:C	1:A:169:ARG:HD3	0.44	2.38	17	1
1:A:297:PRO:CB	1:A:300:PHE:CE2	0.44	3.01	20	1
1:A:190:GLU:O	1:A:191:ILE:C	0.43	2.58	1	1
1:A:171:GLU:CG	1:A:272:LYS:HB3	0.43	2.43	2	1
1:A:273:GLU:O	1:A:277:ILE:HG13	0.43	2.13	5	3
1:A:140:ASN:O	1:A:143:LYS:HG2	0.43	2.12	4	1
1:A:141:LEU:HB3	1:A:163:CYS:SG	0.43	2.53	6	5
1:A:278:ALA:CB	1:A:280:VAL:CG2	0.43	2.96	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:236:ALA:HA	1:A:253:VAL:CG1	0.43	2.43	17	2
1:A:224:LEU:HD13	1:A:269:ARG:NE	0.43	2.28	10	1
1:A:271:GLN:C	1:A:274:ILE:HG22	0.43	2.38	18	2
1:A:292:ILE:CG1	1:A:293:TYR:CD2	0.43	3.01	12	1
1:A:252:SER:HB3	1:A:280:VAL:CG1	0.43	2.43	20	2
1:A:248:ARG:HD3	1:A:283:VAL:CG1	0.43	2.43	15	1
1:A:260:MET:HE2	1:A:313:LEU:HD12	0.43	1.90	18	1
1:A:249:SER:OG	1:A:250:PRO:HD2	0.43	2.13	20	1
1:A:263:GLN:CD	1:A:316:LEU:OXT	0.43	2.61	8	2
1:A:297:PRO:CA	1:A:299:LEU:HD22	0.43	2.44	4	1
1:A:222:LEU:HB2	1:A:273:GLU:CG	0.43	2.43	18	2
1:A:114:MET:CB	1:A:146:TYR:CE2	0.43	3.00	14	2
1:A:163:CYS:HA	1:A:166:ILE:HG12	0.43	1.89	12	3
1:A:286:ARG:NH1	1:A:286:ARG:HG2	0.43	2.27	7	1
1:A:114:MET:O	1:A:114:MET:SD	0.43	2.76	10	1
1:A:220:SER:HA	1:A:269:ARG:NH2	0.43	2.28	10	2
1:A:234:HIS:CB	1:A:301:PRO:HG3	0.43	2.43	12	1
1:A:171:GLU:CB	1:A:272:LYS:HB3	0.43	2.43	13	1
1:A:273:GLU:HA	1:A:277:ILE:HD12	0.43	1.90	14	2
1:A:169:ARG:NH2	1:A:286:ARG:HD2	0.43	2.28	16	1
1:A:195:PHE:O	1:A:199:LEU:HG	0.43	2.13	16	1
1:A:234:HIS:CE1	1:A:303:ASP:OD1	0.43	2.71	17	1
1:A:142:PHE:O	1:A:146:TYR:HB2	0.43	2.13	19	13
1:A:145:VAL:HG23	1:A:148:GLN:HG2	0.43	1.90	3	1
1:A:210:THR:O	1:A:251:ILE:CD1	0.43	2.57	3	1
1:A:289:TYR:C	1:A:291:LEU:N	0.43	2.76	4	8
1:A:289:TYR:O	1:A:291:LEU:N	0.43	2.51	5	2
1:A:278:ALA:HB1	1:A:280:VAL:HG22	0.43	1.89	6	1
1:A:282:ASP:OD1	1:A:282:ASP:O	0.43	2.35	9	1
1:A:129:ASN:O	1:A:130:LEU:CD1	0.43	2.64	10	1
1:A:207:ASP:OD1	1:A:248:ARG:HD3	0.43	2.13	10	1
1:A:214:PHE:CZ	1:A:251:ILE:CD1	0.43	3.01	10	1
1:A:141:LEU:HB2	1:A:163:CYS:SG	0.43	2.53	11	3
1:A:168:CYS:HB2	1:A:173:VAL:CG1	0.43	2.43	11	1
1:A:272:LYS:HA	1:A:276:ASP:CB	0.43	2.42	11	1
1:A:244:LEU:HD13	1:A:292:ILE:CG1	0.43	2.41	15	1
1:A:289:TYR:CE1	1:A:299:LEU:HD23	0.43	2.49	15	1
1:A:120:GLU:OE2	1:A:124:MET:SD	0.43	2.76	18	1
1:A:222:LEU:CG	1:A:273:GLU:HG2	0.43	2.43	18	1
1:A:220:SER:CB	1:A:224:LEU:HB2	0.43	2.43	19	1
1:A:151:LEU:C	1:A:153:GLY:N	0.43	2.75	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:141:LEU:HD22	1:A:166:ILE:HG21	0.43	1.90	3	1
1:A:298:ASP:C	1:A:300:PHE:N	0.43	2.75	11	4
1:A:128:ILE:CG2	1:A:130:LEU:HG	0.43	2.44	4	2
1:A:310:VAL:CB	1:A:313:LEU:HD22	0.43	2.42	4	1
1:A:124:MET:SD	1:A:184:SER:CB	0.43	3.07	5	1
1:A:168:CYS:O	1:A:271:GLN:HB3	0.43	2.13	5	1
1:A:299:LEU:C	1:A:301:PRO:HD3	0.43	2.39	6	1
1:A:142:PHE:CE2	1:A:146:TYR:CD1	0.43	3.06	8	1
1:A:235:ILE:HD13	1:A:300:PHE:CE1	0.43	2.48	11	1
1:A:260:MET:CG	1:A:289:TYR:CE1	0.43	3.01	11	1
1:A:292:ILE:O	1:A:292:ILE:HG12	0.43	2.13	15	2
1:A:121:ILE:HG21	1:A:139:ASN:CB	0.43	2.41	2	1
1:A:220:SER:HA	1:A:224:LEU:CB	0.43	2.44	2	1
1:A:126:ASP:OD1	1:A:126:ASP:C	0.43	2.61	17	2
1:A:237:ARG:O	1:A:241:GLU:HB2	0.43	2.13	4	1
1:A:173:VAL:HG23	1:A:174:PRO:HD2	0.43	1.90	5	1
1:A:216:SER:O	1:A:216:SER:OG	0.43	2.35	17	3
1:A:264:ALA:HB1	1:A:300:PHE:CE2	0.43	2.47	5	1
1:A:210:THR:HB	1:A:251:ILE:HD13	0.43	1.89	9	1
1:A:264:ALA:O	1:A:307:ASP:N	0.43	2.51	9	1
1:A:300:PHE:CE2	1:A:304:PHE:HB3	0.43	2.49	11	1
1:A:177:PHE:CD2	1:A:180:ILE:CG1	0.43	3.02	13	1
1:A:297:PRO:HB2	1:A:299:LEU:CD1	0.43	2.44	15	1
1:A:244:LEU:HD13	1:A:292:ILE:CG2	0.43	2.43	17	1
1:A:156:ASN:N	1:A:156:ASN:ND2	0.43	2.64	1	1
1:A:256:ALA:HA	1:A:285:ILE:CG2	0.43	2.40	13	5
1:A:249:SER:HB3	1:A:250:PRO:HD2	0.43	1.90	2	4
1:A:171:GLU:HB2	1:A:272:LYS:HB2	0.43	1.91	3	1
1:A:169:ARG:HA	1:A:173:VAL:CG1	0.43	2.43	4	1
1:A:121:ILE:HG21	1:A:139:ASN:CG	0.43	2.38	11	1
1:A:289:TYR:CB	1:A:316:LEU:C	0.43	2.91	15	1
1:A:205:SER:OG	1:A:205:SER:O	0.43	2.33	16	1
1:A:240:VAL:HG22	1:A:253:VAL:CB	0.43	2.44	19	1
1:A:193:ARG:C	1:A:195:PHE:N	0.43	2.75	15	5
1:A:193:ARG:CZ	1:A:193:ARG:HB2	0.43	2.44	8	1
1:A:178:LYS:CB	1:A:315:GLN:HG3	0.43	2.44	9	1
1:A:120:GLU:CG	1:A:157:ASP:OD2	0.43	2.67	11	1
1:A:292:ILE:CG2	1:A:299:LEU:CD1	0.43	2.97	13	1
1:A:244:LEU:CB	1:A:292:ILE:CG1	0.43	2.96	15	1
1:A:169:ARG:NH1	1:A:286:ARG:HG3	0.43	2.27	18	1
1:A:171:GLU:OE1	1:A:272:LYS:CG	0.43	2.67	18	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:261:ALA:O	1:A:265:SER:CB	0.43	2.67	19	1
1:A:225:PRO:HD3	1:A:267:GLU:OE1	0.43	2.14	20	1
1:A:147:GLU:O	1:A:148:GLN:C	0.43	2.61	19	2
1:A:177:PHE:C	1:A:179:GLU:N	0.43	2.75	11	12
1:A:210:THR:HB	1:A:249:SER:OG	0.43	2.13	3	1
1:A:213:ASP:CB	1:A:278:ALA:HB1	0.43	2.44	4	1
1:A:218:PHE:N	1:A:218:PHE:CD1	0.43	2.86	7	1
1:A:193:ARG:O	1:A:195:PHE:N	0.43	2.52	16	3
1:A:260:MET:CE	1:A:261:ALA:HA	0.43	2.42	10	1
1:A:172:GLY:HA2	1:A:271:GLN:CB	0.43	2.43	11	1
1:A:174:PRO:O	1:A:175:ARG:C	0.43	2.61	12	2
1:A:171:GLU:CB	1:A:272:LYS:CG	0.43	2.97	15	1
1:A:248:ARG:HD3	1:A:283:VAL:CG2	0.43	2.44	15	2
1:A:176:THR:HB	1:A:316:LEU:CD2	0.43	2.43	19	1
1:A:169:ARG:HD3	1:A:199:LEU:HD11	0.43	1.90	20	1
1:A:165:TYR:O	1:A:169:ARG:HG2	0.43	2.13	16	5
1:A:151:LEU:HD22	1:A:151:LEU:N	0.43	2.28	6	1
1:A:289:TYR:OH	1:A:297:PRO:HB3	0.43	2.14	6	2
1:A:209:ILE:HD13	1:A:209:ILE:N	0.43	2.28	10	1
1:A:261:ALA:O	1:A:265:SER:HB2	0.43	2.14	20	2
1:A:209:ILE:C	1:A:210:THR:HG23	0.43	2.38	11	1
1:A:213:ASP:OD2	1:A:255:ALA:CB	0.43	2.66	14	1
1:A:234:HIS:CE1	1:A:304:PHE:CB	0.43	3.01	14	1
1:A:218:PHE:CE2	1:A:277:ILE:HG22	0.43	2.49	18	1
1:A:260:MET:HG2	1:A:289:TYR:OH	0.43	2.14	13	5
1:A:286:ARG:O	1:A:290:ARG:HG3	0.43	2.13	1	3
1:A:174:PRO:HB3	1:A:270:THR:N	0.43	2.28	10	2
1:A:151:LEU:HB3	1:A:159:ILE:CD1	0.43	2.44	3	2
1:A:165:TYR:O	1:A:169:ARG:HB2	0.43	2.13	18	3
1:A:174:PRO:O	1:A:175:ARG:HB2	0.43	2.14	11	3
1:A:312:LYS:O	1:A:314:PRO:HD3	0.43	2.14	13	8
1:A:176:THR:CG2	1:A:316:LEU:HB3	0.43	2.44	9	3
1:A:260:MET:SD	1:A:289:TYR:OH	0.43	2.73	10	3
1:A:210:THR:HG21	1:A:249:SER:OG	0.43	2.13	9	1
1:A:152:LYS:O	1:A:153:GLY:C	0.43	2.60	10	1
1:A:231:ALA:O	1:A:234:HIS:NE2	0.43	2.52	10	1
1:A:165:TYR:OH	1:A:169:ARG:NE	0.43	2.52	12	1
1:A:224:LEU:CD2	1:A:225:PRO:HD2	0.43	2.44	12	1
1:A:260:MET:CB	1:A:316:LEU:HA	0.43	2.44	12	1
1:A:266:ALA:HB3	1:A:307:ASP:HB2	0.43	1.89	15	1
1:A:295:ARG:CZ	1:A:295:ARG:CB	0.43	2.96	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:289:TYR:CZ	1:A:315:GLN:HG3	0.43	2.49	17	1
1:A:186:ILE:HD13	1:A:187:SER:HB2	0.43	1.91	20	1
1:A:179:GLU:O	1:A:179:GLU:OE1	0.42	2.37	1	1
1:A:248:ARG:N	1:A:248:ARG:HD2	0.42	2.29	18	3
1:A:295:ARG:O	1:A:295:ARG:HD3	0.42	2.13	1	1
1:A:245:VAL:HG22	1:A:246:PRO:HD2	0.42	1.89	3	1
1:A:252:SER:CA	1:A:284:THR:CG2	0.42	2.97	4	1
1:A:259:TYR:HD2	1:A:316:LEU:HD23	0.42	1.74	5	1
1:A:207:ASP:CG	1:A:283:VAL:HG11	0.42	2.39	10	3
1:A:245:VAL:CG2	1:A:288:SER:CA	0.42	2.97	6	1
1:A:153:GLY:O	1:A:154:ARG:HB2	0.42	2.14	18	3
1:A:256:ALA:O	1:A:260:MET:HG2	0.42	2.14	11	1
1:A:312:LYS:O	1:A:312:LYS:HG2	0.42	2.14	12	1
1:A:272:LYS:HG2	1:A:276:ASP:CB	0.42	2.44	16	1
1:A:130:LEU:CD2	1:A:172:GLY:C	0.42	2.92	19	1
1:A:247:GLY:HA2	1:A:284:THR:OG1	0.42	2.13	20	1
1:A:200:LYS:HG3	1:A:201:ALA:N	0.42	2.29	1	1
1:A:207:ASP:O	1:A:208:LEU:CG	0.42	2.67	3	1
1:A:174:PRO:CB	1:A:268:LYS:HB3	0.42	2.44	4	1
1:A:128:ILE:CG2	1:A:173:VAL:HB	0.42	2.44	5	1
1:A:315:GLN:C	1:A:316:LEU:O	0.42	2.62	18	2
1:A:250:PRO:C	1:A:251:ILE:HG13	0.42	2.39	11	4
1:A:175:ARG:CG	1:A:263:GLN:HB3	0.42	2.44	7	2
1:A:222:LEU:C	1:A:222:LEU:HD23	0.42	2.38	7	1
1:A:228:VAL:HG11	1:A:262:SER:CA	0.42	2.44	8	1
1:A:145:VAL:CG1	1:A:148:GLN:NE2	0.42	2.81	9	1
1:A:314:PRO:O	1:A:315:GLN:HG2	0.42	2.14	13	1
1:A:141:LEU:HB3	1:A:198:ILE:CG2	0.42	2.44	14	1
1:A:180:ILE:HG13	1:A:181:CYS:N	0.42	2.29	15	1
1:A:187:SER:O	1:A:187:SER:OG	0.42	2.37	15	1
1:A:294:PRO:HD2	1:A:297:PRO:HG3	0.42	1.90	15	1
1:A:130:LEU:CD1	1:A:134:ILE:HG13	0.42	2.44	16	1
1:A:273:GLU:CD	1:A:273:GLU:C	0.42	2.86	20	2
1:A:224:LEU:HD21	1:A:267:GLU:CB	0.42	2.43	17	1
1:A:272:LYS:O	1:A:276:ASP:HB2	0.42	2.14	18	1
1:A:130:LEU:HD23	1:A:131:PRO:CD	0.42	2.44	1	1
1:A:234:HIS:HB3	1:A:301:PRO:CD	0.42	2.44	1	4
1:A:219:CYS:SG	1:A:258:ILE:HG21	0.42	2.54	2	1
1:A:231:ALA:HA	1:A:234:HIS:ND1	0.42	2.30	2	3
1:A:170:GLN:O	1:A:171:GLU:HB3	0.42	2.14	5	1
1:A:252:SER:HB3	1:A:284:THR:HB	0.42	1.91	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:289:TYR:CD2	1:A:316:LEU:CA	0.42	3.02	16	2
1:A:292:ILE:HG12	1:A:299:LEU:CD2	0.42	2.41	11	2
1:A:151:LEU:CG	1:A:159:ILE:HD11	0.42	2.44	8	1
1:A:124:MET:SD	1:A:183:VAL:O	0.42	2.77	9	1
1:A:130:LEU:CD2	1:A:134:ILE:HG13	0.42	2.44	9	1
1:A:130:LEU:HD23	1:A:134:ILE:CB	0.42	2.44	10	1
1:A:157:ASP:O	1:A:157:ASP:OD1	0.42	2.37	10	1
1:A:245:VAL:HA	1:A:291:LEU:CD1	0.42	2.45	11	1
1:A:163:CYS:HA	1:A:166:ILE:CG1	0.42	2.44	15	2
1:A:199:LEU:HD23	1:A:286:ARG:HD3	0.42	1.91	12	1
1:A:289:TYR:CB	1:A:316:LEU:HB3	0.42	2.43	15	1
1:A:176:THR:OG1	1:A:316:LEU:CD1	0.42	2.66	16	1
1:A:169:ARG:HA	1:A:271:GLN:OE1	0.42	2.15	19	1
1:A:188:LYS:CE	1:A:191:ILE:HD12	0.42	2.44	19	1
1:A:222:LEU:CD2	1:A:269:ARG:HD2	0.42	2.39	2	1
1:A:297:PRO:CA	1:A:299:LEU:HD12	0.42	2.44	2	2
1:A:206:VAL:O	1:A:207:ASP:HB3	0.42	2.13	11	2
1:A:222:LEU:O	1:A:223:CYS:HB3	0.42	2.15	20	2
1:A:264:ALA:HB2	1:A:313:LEU:HD21	0.42	1.91	5	1
1:A:167:ALA:O	1:A:171:GLU:HB2	0.42	2.15	6	1
1:A:173:VAL:O	1:A:173:VAL:CG2	0.42	2.68	7	1
1:A:259:TYR:OH	1:A:271:GLN:CA	0.42	2.67	11	1
1:A:166:ILE:C	1:A:168:CYS:N	0.42	2.76	19	2
1:A:130:LEU:HD22	1:A:172:GLY:CA	0.42	2.45	19	1
1:A:225:PRO:HG2	1:A:228:VAL:HG23	0.42	1.90	19	1
1:A:166:ILE:O	1:A:170:GLN:HG3	0.42	2.14	1	1
1:A:209:ILE:HB	1:A:279:GLY:O	0.42	2.14	3	3
1:A:234:HIS:HB3	1:A:301:PRO:CG	0.42	2.45	3	2
1:A:261:ALA:O	1:A:265:SER:HB3	0.42	2.14	6	2
1:A:311:ASP:O	1:A:312:LYS:HG2	0.42	2.14	6	1
1:A:202:LEU:C	1:A:202:LEU:CD1	0.42	2.92	7	1
1:A:164:LEU:HD22	1:A:164:LEU:N	0.42	2.29	10	4
1:A:207:ASP:N	1:A:281:ALA:HB1	0.42	2.29	9	1
1:A:297:PRO:HD3	1:A:312:LYS:C	0.42	2.39	12	2
1:A:224:LEU:CD2	1:A:269:ARG:HG3	0.42	2.44	16	1
1:A:231:ALA:O	1:A:235:ILE:HD12	0.42	2.14	16	1
1:A:163:CYS:HA	1:A:166:ILE:CD1	0.42	2.45	17	1
1:A:145:VAL:HG22	1:A:151:LEU:CD1	0.42	2.45	1	1
1:A:176:THR:OG1	1:A:177:PHE:N	0.42	2.52	3	1
1:A:176:THR:CG2	1:A:316:LEU:OXT	0.42	2.68	3	1
1:A:176:THR:HA	1:A:259:TYR:CE2	0.42	2.48	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:288:SER:O	1:A:292:ILE:HG12	0.42	2.15	3	1
1:A:314:PRO:O	1:A:315:GLN:HB2	0.42	2.13	14	4
1:A:300:PHE:CE2	1:A:304:PHE:CG	0.42	3.08	4	1
1:A:244:LEU:O	1:A:244:LEU:HG	0.42	2.15	6	3
1:A:224:LEU:CD2	1:A:269:ARG:HG2	0.42	2.43	7	1
1:A:128:ILE:O	1:A:129:ASN:HB2	0.42	2.14	10	2
1:A:207:ASP:O	1:A:208:LEU:HG	0.42	2.15	10	1
1:A:252:SER:HB3	1:A:284:THR:CA	0.42	2.45	12	1
1:A:259:TYR:CE2	1:A:316:LEU:CD2	0.42	3.03	16	1
1:A:262:SER:OG	1:A:267:GLU:O	0.42	2.34	17	1
1:A:169:ARG:C	1:A:171:GLU:N	0.42	2.76	18	1
1:A:218:PHE:CD1	1:A:218:PHE:N	0.42	2.88	20	1
1:A:151:LEU:O	1:A:152:LYS:HG2	0.42	2.14	2	1
1:A:174:PRO:HB3	1:A:269:ARG:C	0.42	2.39	3	9
1:A:292:ILE:O	1:A:294:PRO:HD3	0.42	2.15	2	2
1:A:297:PRO:CD	1:A:313:LEU:N	0.42	2.83	8	3
1:A:177:PHE:O	1:A:180:ILE:HG13	0.42	2.15	9	5
1:A:296:ALA:CB	1:A:312:LYS:HA	0.42	2.44	3	3
1:A:138:THR:OG1	1:A:164:LEU:HA	0.42	2.15	4	1
1:A:311:ASP:O	1:A:312:LYS:HB3	0.42	2.14	4	3
1:A:314:PRO:O	1:A:315:GLN:HB3	0.42	2.15	6	1
1:A:259:TYR:O	1:A:316:LEU:CD2	0.42	2.68	9	1
1:A:277:ILE:C	1:A:279:GLY:N	0.42	2.78	10	2
1:A:176:THR:HB	1:A:316:LEU:HB3	0.42	1.91	12	1
1:A:288:SER:O	1:A:292:ILE:HG13	0.42	2.15	13	2
1:A:275:GLY:HA2	1:A:285:ILE:HD11	0.42	1.90	14	1
1:A:130:LEU:CG	1:A:134:ILE:HG13	0.42	2.45	16	1
1:A:166:ILE:HG12	1:A:199:LEU:HD22	0.42	1.91	16	1
1:A:259:TYR:CA	1:A:274:ILE:HG12	0.42	2.45	16	1
1:A:289:TYR:CE2	1:A:297:PRO:HB3	0.42	2.50	16	1
1:A:215:MET:N	1:A:215:MET:SD	0.42	2.93	18	1
1:A:221:ASN:ND2	1:A:277:ILE:HD13	0.42	2.30	3	1
1:A:204:THR:O	1:A:205:SER:HB3	0.42	2.14	20	3
1:A:162:ALA:O	1:A:166:ILE:HG12	0.42	2.15	12	3
1:A:174:PRO:HB3	1:A:268:LYS:C	0.42	2.39	6	1
1:A:250:PRO:O	1:A:251:ILE:CG1	0.42	2.68	6	4
1:A:269:ARG:CB	1:A:274:ILE:CD1	0.42	2.98	9	1
1:A:289:TYR:O	1:A:293:TYR:HB3	0.42	2.15	13	2
1:A:292:ILE:O	1:A:292:ILE:HG13	0.42	2.15	10	2
1:A:238:LYS:O	1:A:242:LEU:HD23	0.42	2.13	11	1
1:A:252:SER:C	1:A:284:THR:CG2	0.42	2.92	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:311:ASP:O	1:A:312:LYS:HD2	0.42	2.15	14	1
1:A:114:MET:HG2	1:A:146:TYR:CE2	0.42	2.50	16	1
1:A:223:CYS:CB	1:A:269:ARG:HD2	0.42	2.44	16	1
1:A:245:VAL:HG21	1:A:288:SER:OG	0.42	2.14	20	1
1:A:121:ILE:CG1	1:A:160:ALA:CB	0.42	2.96	16	2
1:A:164:LEU:HD13	1:A:164:LEU:HA	0.42	1.75	2	3
1:A:224:LEU:HD22	1:A:225:PRO:HD2	0.42	1.92	2	2
1:A:169:ARG:O	1:A:271:GLN:HG2	0.42	2.15	20	2
1:A:140:ASN:OD1	1:A:140:ASN:N	0.42	2.52	6	1
1:A:231:ALA:O	1:A:235:ILE:HG13	0.42	2.15	6	3
1:A:291:LEU:O	1:A:291:LEU:HG	0.42	2.15	6	1
1:A:175:ARG:HG2	1:A:263:GLN:HB3	0.42	1.91	7	2
1:A:222:LEU:O	1:A:222:LEU:HD22	0.42	2.15	7	1
1:A:130:LEU:HD23	1:A:134:ILE:HG13	0.42	1.91	9	1
1:A:173:VAL:O	1:A:173:VAL:HG13	0.42	2.15	12	2
1:A:242:LEU:HB3	1:A:244:LEU:CD2	0.42	2.43	12	1
1:A:292:ILE:HG22	1:A:299:LEU:CD1	0.42	2.36	13	1
1:A:247:GLY:HA2	1:A:287:GLN:NE2	0.42	2.30	19	1
1:A:258:ILE:O	1:A:261:ALA:HB3	0.42	2.14	20	1
1:A:299:LEU:N	1:A:299:LEU:CD2	0.42	2.74	20	1
1:A:157:ASP:HB2	1:A:186:ILE:CG2	0.42	2.43	1	3
1:A:168:CYS:O	1:A:271:GLN:CD	0.42	2.63	2	1
1:A:169:ARG:HA	1:A:271:GLN:CD	0.42	2.40	9	2
1:A:224:LEU:HD22	1:A:267:GLU:OE1	0.42	2.14	2	1
1:A:137:ARG:O	1:A:141:LEU:HG	0.42	2.15	5	2
1:A:220:SER:OG	1:A:224:LEU:HB3	0.42	2.15	3	1
1:A:124:MET:CE	1:A:125:ALA:HB2	0.42	2.33	4	1
1:A:171:GLU:HG3	1:A:272:LYS:CG	0.42	2.45	4	1
1:A:235:ILE:CG2	1:A:299:LEU:HB2	0.42	2.45	5	1
1:A:298:ASP:C	1:A:301:PRO:HD2	0.42	2.39	5	1
1:A:120:GLU:O	1:A:124:MET:HG2	0.42	2.15	9	2
1:A:193:ARG:HB2	1:A:193:ARG:NH2	0.42	2.30	8	1
1:A:271:GLN:NE2	1:A:285:ILE:HD12	0.42	2.30	8	1
1:A:211:THR:O	1:A:211:THR:HG22	0.42	2.15	11	1
1:A:266:ALA:HA	1:A:308:THR:OG1	0.42	2.14	11	2
1:A:165:TYR:CZ	1:A:169:ARG:NE	0.42	2.88	12	1
1:A:289:TYR:HB3	1:A:316:LEU:O	0.42	2.15	15	1
1:A:292:ILE:CD1	1:A:299:LEU:HD11	0.42	2.44	18	1
1:A:244:LEU:HD12	1:A:244:LEU:O	0.42	2.15	19	1
1:A:268:LYS:O	1:A:269:ARG:NH1	0.42	2.52	20	1
1:A:121:ILE:HG12	1:A:138:THR:HG22	0.41	1.91	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:244:LEU:C	1:A:246:PRO:HD3	0.41	2.39	15	4
1:A:248:ARG:HG3	1:A:283:VAL:HG13	0.41	1.92	2	2
1:A:210:THR:OG1	1:A:249:SER:OG	0.41	2.35	3	1
1:A:138:THR:HG21	1:A:164:LEU:HD11	0.41	1.92	4	1
1:A:244:LEU:O	1:A:246:PRO:HD3	0.41	2.15	5	2
1:A:272:LYS:HG3	1:A:273:GLU:CG	0.41	2.45	5	1
1:A:124:MET:SD	1:A:184:SER:OG	0.41	2.75	9	1
1:A:178:LYS:N	1:A:315:GLN:HG3	0.41	2.30	9	1
1:A:269:ARG:C	1:A:270:THR:HG1	0.41	2.23	17	2
1:A:223:CYS:HB2	1:A:269:ARG:NH2	0.41	2.30	14	1
1:A:115:MET:C	1:A:115:MET:SD	0.41	3.03	15	1
1:A:293:TYR:HB2	1:A:315:GLN:HB2	0.41	1.91	17	1
1:A:306:PHE:CZ	1:A:310:VAL:HG13	0.41	2.50	17	1
1:A:224:LEU:HD21	1:A:228:VAL:CB	0.41	2.35	20	1
1:A:269:ARG:NH2	1:A:274:ILE:HD12	0.41	2.29	2	1
1:A:312:LYS:O	1:A:312:LYS:HG3	0.41	2.15	4	2
1:A:139:ASN:OD1	1:A:139:ASN:N	0.41	2.52	3	1
1:A:248:ARG:HD2	1:A:283:VAL:CG2	0.41	2.45	5	1
1:A:300:PHE:CG	1:A:306:PHE:CZ	0.41	3.09	5	1
1:A:255:ALA:HB2	1:A:278:ALA:HB1	0.41	1.93	6	1
1:A:258:ILE:HG22	1:A:274:ILE:CG1	0.41	2.43	6	1
1:A:165:TYR:CD2	1:A:195:PHE:CE2	0.41	3.07	7	1
1:A:228:VAL:HG21	1:A:267:GLU:HG3	0.41	1.90	8	1
1:A:165:TYR:HB2	1:A:180:ILE:CG1	0.41	2.45	14	1
1:A:206:VAL:HG23	1:A:282:ASP:OD1	0.41	2.14	14	1
1:A:195:PHE:O	1:A:199:LEU:CD2	0.41	2.63	15	1
1:A:259:TYR:CG	1:A:316:LEU:HD11	0.41	2.51	15	1
1:A:246:PRO:HD2	1:A:291:LEU:CD2	0.41	2.45	17	1
1:A:142:PHE:O	1:A:146:TYR:CB	0.41	2.68	19	1
1:A:260:MET:HE3	1:A:300:PHE:CE2	0.41	2.50	20	1
1:A:166:ILE:O	1:A:169:ARG:HG3	0.41	2.15	6	3
1:A:141:LEU:CD1	1:A:166:ILE:HB	0.41	2.44	19	2
1:A:299:LEU:C	1:A:301:PRO:HD2	0.41	2.40	5	1
1:A:169:ARG:NH2	1:A:170:GLN:NE2	0.41	2.67	14	1
1:A:297:PRO:CG	1:A:313:LEU:HG	0.41	2.46	14	1
1:A:242:LEU:O	1:A:243:ASP:HB2	0.41	2.15	17	1
1:A:273:GLU:OE1	1:A:273:GLU:O	0.41	2.38	17	1
1:A:164:LEU:O	1:A:168:CYS:HB2	0.41	2.15	19	1
1:A:151:LEU:O	1:A:152:LYS:HB2	0.41	2.14	20	1
1:A:248:ARG:HD2	1:A:283:VAL:HG13	0.41	1.92	2	1
1:A:291:LEU:HG	1:A:291:LEU:O	0.41	2.16	19	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:177:PHE:CD1	1:A:180:ILE:HG12	0.41	2.49	5	1
1:A:174:PRO:CA	1:A:269:ARG:O	0.41	2.69	8	2
1:A:283:VAL:CG2	1:A:287:GLN:NE2	0.41	2.84	6	1
1:A:273:GLU:OE2	1:A:273:GLU:C	0.41	2.63	14	1
1:A:195:PHE:C	1:A:199:LEU:HD23	0.41	2.40	15	1
1:A:279:GLY:O	1:A:280:VAL:HG23	0.41	2.15	18	1
1:A:218:PHE:CZ	1:A:278:ALA:HA	0.41	2.51	1	1
1:A:271:GLN:NE2	1:A:271:GLN:O	0.41	2.54	1	1
1:A:293:TYR:CD2	1:A:293:TYR:O	0.41	2.74	2	1
1:A:177:PHE:O	1:A:179:GLU:N	0.41	2.54	4	1
1:A:190:GLU:OE1	1:A:190:GLU:HA	0.41	2.15	4	1
1:A:150:SER:O	1:A:151:LEU:CD2	0.41	2.64	5	1
1:A:145:VAL:CG2	1:A:198:ILE:HG12	0.41	2.45	7	1
1:A:277:ILE:O	1:A:279:GLY:N	0.41	2.53	9	1
1:A:292:ILE:O	1:A:293:TYR:HB3	0.41	2.15	9	1
1:A:289:TYR:CD2	1:A:316:LEU:HG	0.41	2.51	10	1
1:A:149:LYS:O	1:A:150:SER:CB	0.41	2.69	12	1
1:A:171:GLU:HG2	1:A:272:LYS:HA	0.41	1.93	12	1
1:A:316:LEU:O	1:A:316:LEU:HG	0.41	2.16	13	1
1:A:244:LEU:CD2	1:A:292:ILE:HD12	0.41	2.46	14	1
1:A:224:LEU:HD11	1:A:269:ARG:HG3	0.41	1.92	17	1
1:A:224:LEU:CB	1:A:225:PRO:CD	0.41	2.98	17	1
1:A:240:VAL:HG23	1:A:253:VAL:CG1	0.41	2.43	19	1
1:A:130:LEU:HD22	1:A:134:ILE:CG1	0.41	2.45	1	1
1:A:267:GLU:C	1:A:267:GLU:OE1	0.41	2.64	1	1
1:A:125:ALA:HB2	1:A:135:VAL:CG2	0.41	2.45	4	1
1:A:128:ILE:CG2	1:A:130:LEU:CG	0.41	2.99	4	1
1:A:278:ALA:C	1:A:280:VAL:N	0.41	2.77	7	2
1:A:175:ARG:HB3	1:A:263:GLN:NE2	0.41	2.30	10	1
1:A:260:MET:HE2	1:A:289:TYR:HE1	0.41	1.75	11	1
1:A:289:TYR:CD2	1:A:292:ILE:HD11	0.41	2.50	12	1
1:A:146:TYR:CG	1:A:146:TYR:O	0.41	2.74	13	1
1:A:176:THR:HB	1:A:263:GLN:OE1	0.41	2.15	14	1
1:A:234:HIS:CD2	1:A:300:PHE:CB	0.41	3.03	14	1
1:A:234:HIS:NE2	1:A:304:PHE:HB2	0.41	2.30	14	1
1:A:285:ILE:O	1:A:316:LEU:OXT	0.41	2.38	15	1
1:A:296:ALA:N	1:A:297:PRO:HD3	0.41	2.31	15	1
1:A:313:LEU:HA	1:A:315:GLN:OE1	0.41	2.15	15	1
1:A:256:ALA:HB1	1:A:260:MET:HE2	0.41	1.91	16	1
1:A:245:VAL:HG21	1:A:288:SER:C	0.41	2.41	18	1
1:A:176:THR:HB	1:A:316:LEU:HD22	0.41	1.93	19	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:256:ALA:HB2	1:A:288:SER:HB3	0.41	1.92	19	1
1:A:242:LEU:O	1:A:242:LEU:HG	0.41	2.16	1	1
1:A:269:ARG:NH2	1:A:274:ILE:CD1	0.41	2.84	2	1
1:A:141:LEU:HD13	1:A:166:ILE:CB	0.41	2.43	3	1
1:A:221:ASN:CG	1:A:277:ILE:HD13	0.41	2.40	3	1
1:A:248:ARG:NE	1:A:248:ARG:HA	0.41	2.30	3	1
1:A:289:TYR:HB2	1:A:316:LEU:HD13	0.41	1.92	3	1
1:A:314:PRO:C	1:A:315:GLN:HG2	0.41	2.41	3	1
1:A:218:PHE:O	1:A:219:CYS:C	0.41	2.64	4	1
1:A:297:PRO:HA	1:A:299:LEU:CD2	0.41	2.46	4	1
1:A:265:SER:C	1:A:307:ASP:HB2	0.41	2.40	7	3
1:A:234:HIS:CE1	1:A:300:PHE:CD2	0.41	3.08	10	1
1:A:310:VAL:CB	1:A:313:LEU:CD2	0.41	2.98	10	1
1:A:248:ARG:HG3	1:A:283:VAL:CG1	0.41	2.45	11	1
1:A:289:TYR:CG	1:A:292:ILE:CD1	0.41	3.04	12	1
1:A:210:THR:HB	1:A:252:SER:OG	0.41	2.15	13	1
1:A:259:TYR:CD2	1:A:271:GLN:OE1	0.41	2.74	17	1
1:A:260:MET:N	1:A:260:MET:HE2	0.41	2.31	17	1
1:A:292:ILE:O	1:A:294:PRO:CD	0.41	2.68	17	1
1:A:151:LEU:O	1:A:152:LYS:CB	0.41	2.66	20	1
1:A:224:LEU:HD23	1:A:225:PRO:N	0.41	2.30	20	1
1:A:165:TYR:HA	1:A:168:CYS:HG	0.41	1.76	1	1
1:A:166:ILE:HD13	1:A:199:LEU:HD22	0.41	1.92	1	1
1:A:169:ARG:CG	1:A:170:GLN:N	0.41	2.83	4	1
1:A:259:TYR:HB3	1:A:316:LEU:CD2	0.41	2.45	4	1
1:A:184:SER:O	1:A:185:ARG:HB2	0.41	2.15	5	2
1:A:213:ASP:HB2	1:A:278:ALA:O	0.41	2.16	6	1
1:A:262:SER:CB	1:A:274:ILE:CD1	0.41	2.99	6	1
1:A:124:MET:SD	1:A:183:VAL:HG22	0.41	2.56	9	1
1:A:134:ILE:CD1	1:A:171:GLU:HB2	0.41	2.38	11	1
1:A:169:ARG:HB2	1:A:169:ARG:NH1	0.41	2.31	15	1
1:A:165:TYR:CD1	1:A:169:ARG:HB3	0.41	2.51	16	1
1:A:124:MET:CE	1:A:184:SER:HG	0.41	2.29	17	1
1:A:165:TYR:OH	1:A:316:LEU:CD2	0.41	2.68	17	1
1:A:224:LEU:CD2	1:A:269:ARG:HD2	0.41	2.45	17	1
1:A:236:ALA:HA	1:A:253:VAL:HG11	0.41	1.92	17	1
1:A:129:ASN:C	1:A:130:LEU:HD12	0.41	2.41	18	1
1:A:262:SER:HB3	1:A:267:GLU:O	0.41	2.15	18	1
1:A:272:LYS:O	1:A:276:ASP:N	0.41	2.53	18	1
1:A:281:ALA:O	1:A:285:ILE:HG13	0.41	2.16	20	1
1:A:130:LEU:HD21	1:A:172:GLY:O	0.41	2.16	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:305:LYS:O	1:A:305:LYS:HG3	0.41	2.16	1	1
1:A:293:TYR:CG	1:A:296:ALA:O	0.41	2.74	3	1
1:A:306:PHE:CZ	1:A:310:VAL:HG23	0.41	2.49	3	1
1:A:238:LYS:O	1:A:242:LEU:CB	0.41	2.69	4	1
1:A:222:LEU:O	1:A:223:CYS:HB2	0.41	2.15	8	1
1:A:292:ILE:HD12	1:A:299:LEU:HD22	0.41	1.93	8	1
1:A:228:VAL:CG1	1:A:265:SER:CB	0.41	2.87	10	1
1:A:252:SER:HB2	1:A:284:THR:HA	0.41	1.92	10	1
1:A:257:ALA:CA	1:A:260:MET:HE3	0.41	2.44	11	1
1:A:260:MET:HB2	1:A:316:LEU:HA	0.41	1.91	12	1
1:A:296:ALA:CB	1:A:312:LYS:CG	0.41	2.98	12	1
1:A:260:MET:HA	1:A:263:GLN:NE2	0.41	2.31	13	1
1:A:169:ARG:O	1:A:271:GLN:HG3	0.41	2.16	14	1
1:A:234:HIS:CD2	1:A:300:PHE:HB3	0.41	2.51	14	1
1:A:234:HIS:CD2	1:A:300:PHE:CG	0.41	3.09	14	1
1:A:244:LEU:CB	1:A:292:ILE:HG13	0.41	2.45	15	1
1:A:292:ILE:CG1	1:A:292:ILE:O	0.41	2.69	15	1
1:A:313:LEU:C	1:A:315:GLN:OE1	0.41	2.64	15	1
1:A:219:CYS:O	1:A:224:LEU:HB2	0.41	2.16	16	1
1:A:259:TYR:HA	1:A:274:ILE:HG12	0.41	1.93	17	2
1:A:174:PRO:HB2	1:A:268:LYS:HB2	0.41	1.92	17	1
1:A:165:TYR:CE1	1:A:177:PHE:CA	0.41	3.04	19	1
1:A:262:SER:OG	1:A:269:ARG:HG2	0.41	2.16	19	1
1:A:222:LEU:O	1:A:222:LEU:HG	0.41	2.16	1	2
1:A:262:SER:HB2	1:A:267:GLU:O	0.41	2.15	3	1
1:A:203:GLU:O	1:A:204:THR:HB	0.41	2.15	6	1
1:A:256:ALA:HB1	1:A:288:SER:OG	0.41	2.16	6	1
1:A:265:SER:HG	1:A:304:PHE:HZ	0.41	1.51	7	1
1:A:271:GLN:OE1	1:A:271:GLN:HA	0.41	2.14	10	1
1:A:202:LEU:O	1:A:202:LEU:HG	0.41	2.15	11	1
1:A:142:PHE:CZ	1:A:146:TYR:CE1	0.41	3.09	14	1
1:A:204:THR:CG2	1:A:282:ASP:CG	0.41	2.93	14	1
1:A:250:PRO:C	1:A:252:SER:N	0.41	2.78	14	1
1:A:263:GLN:OE1	1:A:313:LEU:HG	0.41	2.16	15	1
1:A:206:VAL:HG13	1:A:207:ASP:OD1	0.41	2.15	17	1
1:A:137:ARG:N	1:A:137:ARG:HD2	0.41	2.29	18	1
1:A:121:ILE:HG21	1:A:139:ASN:HA	0.41	1.91	19	1
1:A:256:ALA:O	1:A:260:MET:HB3	0.40	2.16	1	1
1:A:158:ALA:HA	1:A:191:ILE:HG12	0.40	1.94	2	1
1:A:221:ASN:OD1	1:A:277:ILE:HD13	0.40	2.16	3	1
1:A:293:TYR:OH	1:A:315:GLN:CA	0.40	2.69	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:235:ILE:HD11	1:A:300:PHE:CE1	0.40	2.51	4	1
1:A:247:GLY:HA3	1:A:287:GLN:NE2	0.40	2.31	18	2
1:A:222:LEU:HB2	1:A:273:GLU:CB	0.40	2.46	6	1
1:A:260:MET:HE1	1:A:313:LEU:CB	0.40	2.47	7	1
1:A:300:PHE:O	1:A:300:PHE:CG	0.40	2.74	9	1
1:A:245:VAL:O	1:A:245:VAL:HG13	0.40	2.16	11	1
1:A:260:MET:HB2	1:A:316:LEU:C	0.40	2.42	12	1
1:A:273:GLU:C	1:A:273:GLU:CD	0.40	2.89	14	1
1:A:232:ALA:HA	1:A:235:ILE:CD1	0.40	2.45	15	1
1:A:296:ALA:O	1:A:312:LYS:HG3	0.40	2.16	15	1
1:A:248:ARG:N	1:A:287:GLN:OE1	0.40	2.53	17	1
1:A:168:CYS:O	1:A:271:GLN:HB2	0.40	2.17	19	1
1:A:261:ALA:O	1:A:265:SER:N	0.40	2.55	19	1
1:A:174:PRO:HB3	1:A:269:ARG:O	0.40	2.16	1	1
1:A:259:TYR:HB3	1:A:316:LEU:CD1	0.40	2.44	4	1
1:A:180:ILE:C	1:A:183:VAL:HG12	0.40	2.41	6	1
1:A:228:VAL:HG13	1:A:261:ALA:C	0.40	2.40	6	1
1:A:206:VAL:O	1:A:206:VAL:HG12	0.40	2.15	8	1
1:A:263:GLN:OE1	1:A:313:LEU:HD22	0.40	2.14	8	1
1:A:287:GLN:OE1	1:A:290:ARG:HD3	0.40	2.16	9	1
1:A:128:ILE:O	1:A:130:LEU:HD23	0.40	2.16	16	1
1:A:275:GLY:O	1:A:276:ASP:C	0.40	2.63	16	1
1:A:124:MET:O	1:A:183:VAL:CG2	0.40	2.57	1	1
1:A:222:LEU:HD21	1:A:277:ILE:HD12	0.40	1.92	3	1
1:A:293:TYR:OH	1:A:316:LEU:N	0.40	2.54	3	1
1:A:273:GLU:HA	1:A:277:ILE:HG13	0.40	1.94	9	2
1:A:234:HIS:HB2	1:A:300:PHE:HB2	0.40	1.93	6	1
1:A:293:TYR:OH	1:A:315:GLN:HA	0.40	2.16	8	1
1:A:149:LYS:CD	1:A:149:LYS:O	0.40	2.69	10	1
1:A:248:ARG:N	1:A:287:GLN:NE2	0.40	2.70	10	1
1:A:224:LEU:HD12	1:A:225:PRO:HD2	0.40	1.94	13	1
1:A:245:VAL:CG1	1:A:245:VAL:O	0.40	2.56	14	1
1:A:166:ILE:N	1:A:166:ILE:HD13	0.40	2.31	15	1
1:A:260:MET:N	1:A:316:LEU:HD13	0.40	2.31	15	1
1:A:316:LEU:CD2	1:A:316:LEU:OXT	0.40	2.58	15	1
1:A:171:GLU:CD	1:A:276:ASP:OD2	0.40	2.64	17	1
1:A:253:VAL:HA	1:A:288:SER:OG	0.40	2.16	17	1
1:A:260:MET:HE2	1:A:313:LEU:HD13	0.40	1.93	18	1
1:A:120:GLU:HG3	1:A:157:ASP:OD2	0.40	2.17	19	1
1:A:240:VAL:CG2	1:A:253:VAL:HB	0.40	2.46	19	1
1:A:273:GLU:N	1:A:273:GLU:CD	0.40	2.79	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:248:ARG:C	1:A:249:SER:O	0.40	2.64	2	1
1:A:121:ILE:HD13	1:A:139:ASN:CA	0.40	2.36	3	1
1:A:124:MET:SD	1:A:184:SER:HB3	0.40	2.57	5	1
1:A:141:LEU:C	1:A:144:GLN:HG2	0.40	2.42	7	1
1:A:161:SER:HB2	1:A:191:ILE:CD1	0.40	2.45	8	1
1:A:170:GLN:O	1:A:171:GLU:HG2	0.40	2.16	10	1
1:A:251:ILE:N	1:A:251:ILE:CD1	0.40	2.77	10	1
1:A:283:VAL:HG22	1:A:287:GLN:OE1	0.40	2.16	10	1
1:A:286:ARG:HG2	1:A:290:ARG:CD	0.40	2.47	10	1
1:A:310:VAL:HG11	1:A:313:LEU:HD23	0.40	1.88	10	1
1:A:175:ARG:O	1:A:259:TYR:CD1	0.40	2.74	11	1
1:A:289:TYR:CD2	1:A:293:TYR:CE2	0.40	3.09	11	1
1:A:151:LEU:CD2	1:A:159:ILE:HG12	0.40	2.45	14	1
1:A:244:LEU:CD2	1:A:292:ILE:HA	0.40	2.41	15	1
1:A:308:THR:OG1	1:A:309:PRO:HD2	0.40	2.15	15	1
1:A:260:MET:SD	1:A:316:LEU:HG	0.40	2.57	16	1
1:A:176:THR:HB	1:A:260:MET:SD	0.40	2.57	17	1
1:A:215:MET:O	1:A:216:SER:HB3	0.40	2.16	17	1
1:A:145:VAL:HG11	1:A:198:ILE:CG2	0.40	2.45	19	1
1:A:252:SER:HB3	1:A:284:THR:HG23	0.40	1.92	19	1
1:A:190:GLU:HA	1:A:193:ARG:CD	0.40	2.46	20	1
1:A:213:ASP:OD1	1:A:213:ASP:O	0.40	2.38	1	1
1:A:222:LEU:HD11	1:A:269:ARG:HD3	0.40	1.93	3	1
1:A:247:GLY:HA3	1:A:284:THR:OG1	0.40	2.16	3	1
1:A:138:THR:OG1	1:A:163:CYS:C	0.40	2.64	4	1
1:A:220:SER:HB2	1:A:224:LEU:CB	0.40	2.47	7	1
1:A:166:ILE:CG2	1:A:202:LEU:CD1	0.40	2.99	8	1
1:A:177:PHE:CE1	1:A:315:GLN:NE2	0.40	2.89	9	1
1:A:245:VAL:HB	1:A:291:LEU:CB	0.40	2.46	10	1
1:A:190:GLU:O	1:A:194:CYS:HB2	0.40	2.17	11	1
1:A:256:ALA:CB	1:A:285:ILE:HA	0.40	2.44	11	1
1:A:260:MET:CE	1:A:313:LEU:CD1	0.40	2.81	13	1
1:A:312:LYS:O	1:A:314:PRO:CD	0.40	2.69	13	1
1:A:228:VAL:CG1	1:A:265:SER:HB3	0.40	2.42	14	1
1:A:238:LYS:HE2	1:A:299:LEU:O	0.40	2.15	14	1
1:A:195:PHE:CD2	1:A:199:LEU:CD2	0.40	3.05	15	1
1:A:204:THR:HG22	1:A:206:VAL:H	0.40	1.75	15	1
1:A:166:ILE:HD11	1:A:199:LEU:HD23	0.40	1.89	16	1
1:A:223:CYS:HB2	1:A:269:ARG:NH1	0.40	2.31	16	1
1:A:269:ARG:HA	1:A:269:ARG:CZ	0.40	2.46	16	1
1:A:176:THR:OG1	1:A:316:LEU:HG	0.40	2.16	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:224:LEU:CB	1:A:225:PRO:HD2	0.40	2.47	17	1
1:A:313:LEU:CD1	1:A:314:PRO:HD2	0.40	2.46	17	1
1:A:289:TYR:CZ	1:A:292:ILE:HG21	0.40	2.51	19	1

6.3 Torsion angles [i](#)

6.3.1 Protein backbone [i](#)

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	204/208 (98%)	152±4 (74±2%)	33±4 (16±2%)	19±3 (9±1%)	1	11
All	All	4080/4160 (98%)	3034 (74%)	665 (16%)	381 (9%)	1	11

All 61 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	187	SER	20
1	A	155	ALA	19
1	A	176	THR	19
1	A	171	GLU	17
1	A	203	GLU	17
1	A	204	THR	17
1	A	295	ARG	17
1	A	312	LYS	17
1	A	209	ILE	16
1	A	280	VAL	14
1	A	296	ALA	14
1	A	301	PRO	13
1	A	185	ARG	13
1	A	223	CYS	12
1	A	206	VAL	11
1	A	207	ASP	9
1	A	154	ARG	9
1	A	175	ARG	8
1	A	302	THR	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	315	GLN	8
1	A	174	PRO	7
1	A	270	THR	7
1	A	172	GLY	6
1	A	311	ASP	6
1	A	152	LYS	5
1	A	251	ILE	5
1	A	247	GLY	5
1	A	249	SER	4
1	A	246	PRO	4
1	A	248	ARG	4
1	A	271	GLN	4
1	A	148	GLN	3
1	A	304	PHE	3
1	A	150	SER	3
1	A	266	ALA	3
1	A	153	GLY	2
1	A	243	ASP	2
1	A	112	ARG	2
1	A	297	PRO	2
1	A	310	VAL	2
1	A	306	PHE	2
1	A	292	ILE	2
1	A	281	ALA	2
1	A	131	PRO	1
1	A	294	PRO	1
1	A	202	LEU	1
1	A	303	ASP	1
1	A	129	ASN	1
1	A	166	ILE	1
1	A	291	LEU	1
1	A	211	THR	1
1	A	244	LEU	1
1	A	245	VAL	1
1	A	305	LYS	1
1	A	299	LEU	1
1	A	208	LEU	1
1	A	210	THR	1
1	A	293	TYR	1
1	A	205	SER	1
1	A	279	GLY	1
1	A	314	PRO	1

6.3.2 Protein sidechains ⓘ

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

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
1	A	174/176 (99%)	122±5 (70±3%)	52±5 (30±3%)	1	16
All	All	3480/3520 (99%)	2431 (70%)	1049 (30%)	1	16

All 134 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	202	LEU	20
1	A	249	SER	20
1	A	285	ILE	20
1	A	180	ILE	19
1	A	186	ILE	19
1	A	244	LEU	19
1	A	306	PHE	19
1	A	189	LYS	17
1	A	149	LYS	17
1	A	169	ARG	16
1	A	270	THR	16
1	A	274	ILE	16
1	A	312	LYS	15
1	A	315	GLN	15
1	A	178	LYS	14
1	A	223	CYS	14
1	A	251	ILE	14
1	A	284	THR	14
1	A	316	LEU	14
1	A	226	LYS	13
1	A	238	LYS	13
1	A	200	LYS	12
1	A	204	THR	12
1	A	215	MET	12
1	A	299	LEU	12
1	A	154	ARG	12
1	A	269	ARG	12
1	A	115	MET	11
1	A	152	LYS	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	171	GLU	11
1	A	271	GLN	11
1	A	305	LYS	11
1	A	221	ASN	11
1	A	268	LYS	11
1	A	208	LEU	11
1	A	137	ARG	10
1	A	175	ARG	10
1	A	218	PHE	10
1	A	248	ARG	10
1	A	267	GLU	10
1	A	289	TYR	10
1	A	290	ARG	10
1	A	230	MET	10
1	A	262	SER	10
1	A	119	LYS	10
1	A	132	ARG	9
1	A	185	ARG	9
1	A	196	LYS	9
1	A	210	THR	9
1	A	287	GLN	9
1	A	313	LEU	9
1	A	205	SER	9
1	A	190	GLU	9
1	A	217	ARG	9
1	A	114	MET	8
1	A	150	SER	8
1	A	241	GLU	8
1	A	237	ARG	8
1	A	265	SER	8
1	A	112	ARG	8
1	A	203	GLU	8
1	A	272	LYS	8
1	A	184	SER	8
1	A	214	PHE	8
1	A	243	ASP	8
1	A	147	GLU	8
1	A	127	ARG	7
1	A	136	ASP	7
1	A	148	GLN	7
1	A	295	ARG	7
1	A	298	ASP	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	302	THR	7
1	A	303	ASP	7
1	A	228	VAL	7
1	A	120	GLU	7
1	A	222	LEU	7
1	A	129	ASN	7
1	A	286	ARG	7
1	A	282	ASP	7
1	A	144	GLN	6
1	A	179	GLU	6
1	A	188	LYS	6
1	A	220	SER	6
1	A	273	GLU	6
1	A	193	ARG	6
1	A	235	ILE	6
1	A	219	CYS	6
1	A	310	VAL	6
1	A	197	LEU	6
1	A	211	THR	5
1	A	260	MET	5
1	A	143	LYS	5
1	A	161	SER	5
1	A	252	SER	5
1	A	292	ILE	5
1	A	224	LEU	5
1	A	139	ASN	4
1	A	151	LEU	4
1	A	157	ASP	4
1	A	126	ASP	4
1	A	133	ASN	4
1	A	307	ASP	4
1	A	311	ASP	4
1	A	207	ASP	4
1	A	216	SER	4
1	A	181	CYS	3
1	A	288	SER	3
1	A	229	GLN	3
1	A	258	ILE	3
1	A	124	MET	3
1	A	253	VAL	2
1	A	213	ASP	2
1	A	164	LEU	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	276	ASP	2
1	A	227	GLN	2
1	A	170	GLN	2
1	A	263	GLN	2
1	A	156	ASN	1
1	A	245	VAL	1
1	A	291	LEU	1
1	A	176	THR	1
1	A	138	THR	1
1	A	300	PHE	1
1	A	280	VAL	1
1	A	116	ASN	1
1	A	141	LEU	1
1	A	168	CYS	1
1	A	166	ILE	1
1	A	122	THR	1
1	A	308	THR	1
1	A	173	VAL	1
1	A	198	ILE	1
1	A	199	LEU	1
1	A	187	SER	1

6.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no oligosaccharides in this entry.

6.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided