



Full wwPDB EM Validation Report ⓘ

Mar 9, 2026 – 06:45 AM UTC

PDB ID : 5W1R / pdb_00005w1r
EMDB ID : EMD-8751
Title : Cryo-EM structure of DNAPKcs
Authors : Sharif, H.; Li, Y.; Wu, H.
Deposited on : 2017-06-04
Resolution : 4.40 Å(reported)

This is a Full wwPDB EM 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/EMValidationReportHelp>

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:

EMDB validation analysis : 0.0.1.dev132
MolProbity : 4-5-2 with Phenix2.0
Percentile statistics : 20250101.v01 (using entries in the PDB archive January 1st 2025)
EM percentile statistics : 202505.v01 (Using data in the EMDb archive up until May 2025)
MapQ : 1.9.13
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.49

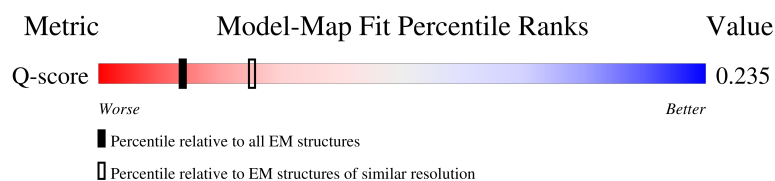
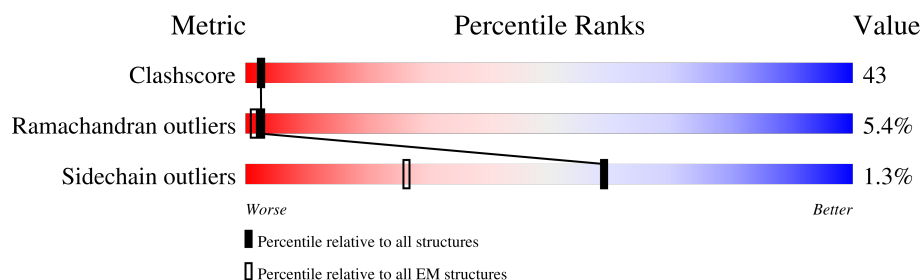
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

ELECTRON MICROSCOPY

The reported resolution of this entry is 4.40 Å.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	EM structures (#Entries)	Similar EM resolution (#Entries, resolution range(Å))
Clashscore	229148	23984	-
Ramachandran outliers	224038	23583	-
Sidechain outliers	223484	23102	-
Q-score	-	25397	3132 (3.91 - 4.90)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the map. The red, orange, yellow and green segments of the bar indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 3 , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria respectively. A grey segment represents the fraction of residues that are not modelled. The numeric value for each fraction is indicated below the corresponding segment, with a dot representing fractions $\leq 5\%$. The upper red bar (where present) indicates the fraction of residues that have poor fit to the EM map (all-atom inclusion $< 40\%$). The numeric value is given above the bar.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	4128	17% 43% 39% • 14%

2 Entry composition [i](#)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 25559 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

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

- Molecule 1 is a protein called DNA-dependent protein kinase catalytic subunit.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
1	A	3563	Total	C	N	O	S	0	0
			25559	16187	4350	4889	133		

3 Residue-property plots

These plots are drawn for all protein, RNA, DNA and oligosaccharide chains in the entry. The first graphic for a chain summarises the proportions of the various outlier classes displayed in the second graphic. The second graphic shows the sequence view annotated by issues in geometry and atom inclusion in map density. Residues are color-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. A red diamond above a residue indicates a poor fit to the EM map for this residue (all-atom inclusion < 40%). Stretches of 2 or more consecutive residues without any outlier are shown as a green connector. Residues present in the sample, but not in the model, are shown in grey.

- Molecule 1: DNA-dependent protein kinase catalytic subunit



L1419	R1340	T1275	I1131	L1063	K1000	M937	L862	Y799	S728	C729	L700	P666	L1419	R1340	T1275	I1131	L1063	K1000	M937	L862	Y799	S728	C729	L700	P666	L1419	R1340	T1275	I1131	L1063	K1000	M937	L862	Y799	S728	C729	L700	P666		
E1420	I1341	V1276	D1132	L1068	F1001	V938	L1068	L1069	F1001	L780	L670		E1420	I1341	V1276	D1132	L1068	F1001	V938	L1068	L1069	F1001	L780	L670		E1420	I1341	V1276	D1132	L1068	F1001	V938	L1068	L1069	F1001	L780	L670			
A1421	M1342	G1277	H1133	L1069	S1003	V938	L1068	L1069	S1003	L800	S671		A1421	M1342	G1277	H1133	L1069	S1003	V938	L1068	L1069	S1003	L800	S671		A1421	M1342	G1277	H1133	L1069	S1003	V938	L1068	L1069	S1003	L800	S671			
K1422	E1343	A1278	L1134	P1070	Q1004	M941	P1070	Q1004	Q1004	T802	T672		K1422	E1343	A1278	L1134	P1070	Q1004	Q1004	M941	T802	T672		K1422	E1343	A1278	L1134	P1070	Q1004	Q1004	M941	T802	T672		K1422	E1343	A1278	L1134	P1070	
I1423	F1344	L1279	C1135		D1005	L942		D1005	D1005	S803	T673		I1423	F1344	L1279	C1135		D1005	D1005	L942	S803	T673		I1423	F1344	L1279	C1135		D1005	D1005	L942	S803	T673		I1423	F1344	L1279	C1135		
T1424		Q1280		A1071	T1006	G943		T1006	T1006	A804	T674		T1424		Q1280		A1071	T1006	G943		A804	T674		T1424		Q1280		A1071	T1006	G943		A804	T674		T1424		Q1280		A1071	
A1425	N1350	V1281	I1138		V1007	K944		V1007	V1007	L805	R675		A1425	N1350	V1281	I1138		V1007	K944		L805	R675		A1425	N1350	V1281	I1138		V1007	K944		L805	R675		A1425	N1350	V1281	I1138		
Q1426	T1351	L1282	E1139	F1073	A1008	R945		A1008	A1008	S806	R676		Q1426	T1351	L1282	E1139	F1073	A1008	R945		S806	R676		Q1426	T1351	L1282	E1139	F1073	A1008	R945		S806	R676		Q1426	T1351	L1282	E1139	F1073	
S1427	S1352	G1283	K1140	K1074	L1009	T946		L1009	L1009	ASP	R677		S1427	S1352	G1283	K1140	K1074	L1009	T946		ASP	R677		S1427	S1352	G1283	K1140	K1074	L1009	T946		L1009	R677		S1427	S1352	G1283	K1140	K1074	
I1428	P1353	T1284	H1141	R1075	L1010	Q947		L1010	L1010	GLU	K678		I1428	P1353	T1284	H1141	R1075	L1010	Q947		GLU	K678		I1428	P1353	T1284	H1141	R1075	L1010	Q947		L1010	K678		I1428	P1353	T1284	H1141	R1075	
E1429	E1354		V1143		E1011			E1011	E1011	THR	R679		E1429	E1354		V1143		E1011	E1011		THR	R679		E1429	E1354		V1143		E1011	E1011		E1011	R679		E1429	E1354		V1143		
E1430		E1285		A1078	A1012			A1012	A1012	LYS	K679		E1430		E1285		A1078	A1012		LYS	K679		E1430		E1285		A1078	A1012		LYS	K679		E1430		E1285		A1078	A1012		
L1431	K1357	A1286	K1147	S1079	I1013	P949		I1013	I1013	ASN	R680		L1431	K1357	A1286	K1147	S1079	I1013	P949		ASN	R680		L1431	K1357	A1286	K1147	S1079	I1013	P949		I1013	R680		L1431	K1357	A1286	K1147	S1079	
C1432	L1358	Q1287	A1148	L1080	L1014			L1014	L1014	ALA	I624		C1432	L1358	Q1287	A1148	L1080	L1014		ALA	I624		C1432	L1358	Q1287	A1148	L1080	L1014		ALA	I624		L1014	I624		C1432	L1358	Q1287	A1148	L1080
A1433		S1288	K1149	F1082	D1015	G951		D1015	D1015	ALA	GLY		A1433		S1288	K1149	F1082	D1015	G951		ALA	GLY		A1433		S1288	K1149	F1082	D1015	G951		D1015	GLY		A1433		S1288	K1149	F1082	
V1434	K1361	S1289	K1150	N1083	G1016	Q953		G1016	G1016	VAL	VAL		V1434	K1361	S1289	K1150	N1083	G1016	Q953		VAL	VAL		V1434	K1361	S1289	K1150	N1083	G1016	Q953		G1016	VAL		V1434	K1361	S1289	K1150	N1083	
M1435	D1362	L1290	R1151	N1084	I1017			I1017	I1017	GLU	PHE		M1435	D1362	L1290	R1151	N1084	I1017		GLU	PHE		M1435	D1362	L1290	R1151	N1084	I1017		GLU	PHE		I1017	PHE		M1435	D1362	L1290	R1151	N1084
L1436	L1363	L1291	L1152	I1085	V1018			V1018	V1018	SER	GLY		L1436	L1363	L1291	L1152	I1085	V1018		SER	GLY		L1436	L1363	L1291	L1152	I1085	V1018		SER	GLY		V1018	GLY		L1436	L1363	L1291	L1152	I1085
E1437	C1364	L1292	P1154	Y1086	D1019	P957		D1019	D1019	LEU	VAL		E1437	C1364	L1292	P1154	Y1086	D1019	P957		LEU	VAL		E1437	C1364	L1292	P1154	Y1086	D1019	P957		D1019	LEU		E1437	C1364	L1292	P1154	Y1086	
Y1437	N1365	A1293		R1087	P1020			P1020	P1020	SER	SER		Y1437	N1365	A1293		R1087	P1020		SER	SER		Y1437	N1365	A1293		R1087	P1020		SER	SER		P1020	SER		Y1437	N1365	A1293		R1087
G1438	T1366	E1294	F1157	E1088	V1021			V1021	V1021	ARG	PRO		G1438	T1366	E1294	F1157	E1088	V1021		ARG	PRO		G1438	T1366	E1294	F1157	E1088	V1021		ARG	PRO		V1021	PRO		G1438	T1366	E1294	F1157	
P1439	H1367	A1295	P1158	F1089	D1022	Y959		D1022	D1022	ALA	GLY		P1439	H1367	A1295	P1158	F1089	D1022	Y959		ALA	GLY		P1439	H1367	A1295	P1158	F1089	D1022	Y959		D1022	ALA		P1439	H1367	A1295	P1158		
D1440	L1368	F1296	P1159	V1096	S1023	Q960		S1023	S1023	ALA	LYS		D1440	L1368	F1296	P1159	V1096	S1023	Q960		ALA	LYS		D1440	L1368	F1296	P1159	V1096	S1023	Q960		S1023	ALA		D1440	L1368	F1296	P1159		
A1441	M1369	L1297	S1160	E1097	T1024	L961		T1024	T1024	ALA	SER		A1441	M1369	L1297	S1160	E1097	T1024	L961		ALA	SER		A1441	M1369	L1297	S1160	E1097	T1024	L961		T1024	ALA		A1441	M1369	L1297	S1160		
R1447	R1370	L1298	L1165	C1164	G1036			G1036	G1036	GLN	LEU		R1447	R1370	L1298	L1165	C1164	G1036		GLN	LEU		R1447	R1370	L1298	L1165	C1164	G1036		GLN	LEU		GLN	LEU		R1447	R1370	L1298	L1165	
L1448	V1371	E1299	L1166	L1166	T1223	S1162		T1223	T1223	LYS	GLN		L1448	V1371	E1299	L1166	L1166	T1223	S1162		LYS	GLN		L1448	V1371	E1299	L1166	L1166	T1223	S1162		GLN	LYS		L1448	V1371	E1299	L1166		
A1449	L1372		L1172	F1099	F1224	S1162		F1224	F1224	GLY	LEU		A1449	L1372		L1172	F1099	F1224	S1162		GLY	LEU		A1449	L1372		L1172	F1099	F1224	S1162		LEU	GLY		A1449	L1372		L1172		
V1452	L1376		L1173	Q1231				Q1231	Q1231	VAL	VAL		V1452	L1376		L1173	Q1231		VAL	VAL		VAL			V1452	L1376		L1173	Q1231		VAL	VAL		VAL	VAL		V1452	L1376		L1173
S1453	C1377	H1304	L1168	V1100	L1236			L1236	L1236	LEU	LEU		S1453	C1377	H1304	L1168	V1100	L1236		LEU	LEU		S1453	C1377	H1304	L1168	V1100	L1236		LEU	LEU		LEU	LEU		S1453	C1377	H1304	L1168	
L1463	E1378	L1307	V1169	E1102	A1237			A1237	A1237	LEU	LEU		L1463	E1378	L1307	V1169	E1102	A1237		LEU	LEU		L1463	E1378	L1307	V1169	E1102	A1237		LEU	LEU		LEU	LEU		L1463	E1378	L1307	V1169	
H1464	P1379	ALA	K1170	F1101	Q1238			Q1238	Q1238	GLY	GLY		H1464	P1379	ALA	K1170	F1101	Q1238		GLY	GLY		H1464	P1379	ALA	K1170	F1101	Q1238		GLY	GLY		GLY	GLY		H1464	P1379	ALA		
L1465	A1380	GLU	L1171	E1033	P1239			P1239	P1239	PRO	PRO		L1465	A1380	GLU	L1171	E1033	P1239		PRO	PRO		L1465	A1380	GLU	L1171	E1033	P1239		PRO	PRO		PRO	PRO		L1465	A1380	GLU	L1171	
L1466		LYS	L1172	I1034						GLU	GLU		L1466		LYS	L1172	I1034				GLU	GLU		L1466		LYS	L1172	I1034					GLU	GLU		L1466		LYS		
I1467	G1383	CYS	V1173	V1105	R1245			R1245	R1245	VAL	VAL		I1467	G1383	CYS	V1173	V1105	R1245		VAL	VAL		I1467	G1383	CYS	V1173	V1105	R1245		VAL	VAL		VAL	VAL		I1467	G1383	CYS		
L1468	F1384	PHE	K1178	E1106	G1246			G1246	G1246	LEU	LEU		L1468	F1384	PHE	K1178	E1106	G1246		LEU	LEU		L1468	F1384	PHE	K1178	E1106	G1246		LEU	LEU		LEU	LEU		L1468	F1384	PHE		
P1469	N1385	GLY	F1247	S1249	F1248			F1248	F1248	GLY	GLY		P1469	N1385	GLY	F1247	S1249	F1248		GLY	GLY		P1469	N1385	GLY	F1247	S1249	F1248		GLY	GLY		GLY	GLY		P1469	N1385	GLY		
S1470	I1386	THR	R1248	Q1249						THR	THR		S1470	I1386	THR	R1248	Q1249				THR	THR		S1470	I1386	THR	R1248	Q1249					THR	THR		S1470	I1386	THR		
Q1471	G1387	GLY	L1250	L1250	L1250			L1250	L1250	LYS	LYS		Q1471	G1387	GLY	L1250	L1250	L1250		LYS	LYS		Q1471	G1387	GLY	L1250	L1250	L1250		LYS	LYS		LYS	LYS		Q1471	G1387	GLY		
	D1388	ALA	Q1251	Q1251	Q1251			Q1251	Q1251	ASN	ASN			D1388	ALA	Q1251	Q1251	Q1251		ASN	ASN			D1388	ALA	Q1251	Q1251	Q1251		ASN	ASN		ASN	ASN			D1388	ALA		
D1474	M1392	ALA	L1252	T1253						THR	THR		D1474	M1392	ALA	L1252	T1253				THR	THR		D1474	M1392	ALA	L1252	T1253					THR	THR		D1474	M1392	ALA		
L1475		GLY	Q1253							ASN	ASN		L1475		GLY	Q1253					ASN	ASN		L1475		GLY	Q1253						ASN	ASN		L1475		GLY		
H1476	M1392	ARG	L1254							THR	THR</																													







4 Experimental information

Property	Value	Source
EM reconstruction method	SINGLE PARTICLE	Depositor
Imposed symmetry	POINT, Not provided	
Number of particles used	289798	Depositor
Resolution determination method	FSC 0.143 CUT-OFF	Depositor
CTF correction method	NONE	Depositor
Microscope	FEI TECNAI ARCTICA	Depositor
Voltage (kV)	200	Depositor
Electron dose ($e^-/\text{\AA}^2$)	40	Depositor
Minimum defocus (nm)	Not provided	
Maximum defocus (nm)	Not provided	
Magnification	Not provided	
Image detector	GATAN K2 SUMMIT (4k x 4k)	Depositor
Maximum map value	0.069	Depositor
Minimum map value	-0.039	Depositor
Average map value	0.000	Depositor
Map value standard deviation	0.005	Depositor
Recommended contour level	0.016	Depositor
Map size ($\text{\AA}$)	241.6, 241.6, 241.6	wwPDB
Map dimensions	160, 160, 160	wwPDB
Map angles ($^\circ$)	90.0, 90.0, 90.0	wwPDB
Pixel spacing ($\text{\AA}$)	1.51, 1.51, 1.51	Depositor

5 Model quality [i](#)

5.1 Standard geometry [i](#)

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	$\# Z > 5$	RMSZ	$\# Z > 5$
1	A	0.31	8/25994 (0.0%)	0.74	69/35463 (0.2%)

All (8) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	3568	ILE	CA-C	6.95	1.61	1.52
1	A	3580	ASN	N-CA	6.42	1.55	1.45
1	A	1342	MET	SD-CE	6.37	1.95	1.79
1	A	3576	ASP	C-O	5.67	1.30	1.24
1	A	643	GLU	C-N	5.64	1.41	1.34
1	A	3568	ILE	N-CA	5.32	1.53	1.46
1	A	3580	ASN	CA-C	5.09	1.59	1.52
1	A	3568	ILE	C-O	5.02	1.30	1.24

All (69) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	666	PHE	N-CA-C	10.57	122.80	111.28
1	A	3316	LEU	N-CA-C	-9.85	100.62	111.36
1	A	3580	ASN	N-CA-C	9.80	125.09	110.10
1	A	3348	LEU	N-CA-C	9.36	121.25	111.14
1	A	654	ILE	N-CA-C	9.00	119.81	110.72
1	A	370	ALA	N-CA-C	8.73	120.87	111.36
1	A	1591	LYS	N-CA-C	-8.51	96.18	108.60
1	A	3311	ASN	N-CA-C	8.29	119.94	111.07
1	A	3580	ASN	CA-C-N	-7.97	109.87	119.84
1	A	3580	ASN	C-N-CA	-7.97	109.87	119.84
1	A	1070	PRO	CA-N-CD	-7.74	101.16	112.00
1	A	2555	LEU	N-CA-C	-7.48	103.12	111.28
1	A	642	PHE	N-CA-C	-7.43	103.18	111.28
1	A	2154	GLU	N-CA-C	7.41	119.35	111.28
1	A	3579	SER	N-CA-C	7.30	119.23	111.28
1	A	643	GLU	CA-C-N	-7.28	111.47	119.19

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	643	GLU	C-N-CA	-7.28	111.47	119.19
1	A	3459	ASN	N-CA-C	7.25	121.22	112.38
1	A	3569	GLN	N-CA-C	7.24	119.17	111.28
1	A	1561	SER	N-CA-C	7.18	119.11	111.28
1	A	644	PRO	CA-N-CD	-7.17	101.95	112.00
1	A	3119	VAL	N-CA-C	-7.15	94.47	109.34
1	A	610	ALA	N-CA-C	-7.14	103.57	111.36
1	A	492	SER	N-CA-C	-7.11	100.68	110.35
1	A	2291	GLN	N-CA-C	6.97	118.88	111.28
1	A	3567	VAL	O-C-N	-6.90	113.94	122.57
1	A	3179	TRP	N-CA-C	-6.87	103.80	111.28
1	A	3568	ILE	N-CA-C	6.79	122.37	113.07
1	A	4062	ASP	N-CA-C	6.72	118.61	111.28
1	A	3177	ASN	N-CA-C	6.66	119.79	108.67
1	A	3310	ASN	N-CA-C	6.63	118.50	111.28
1	A	536	SER	N-CA-C	-6.48	104.21	111.28
1	A	3977	THR	CB-CA-C	-6.42	109.18	116.63
1	A	3832	PRO	N-CA-C	-6.16	105.14	113.40
1	A	3144	PHE	N-CA-C	6.11	118.02	111.36
1	A	3145	ILE	N-CA-C	6.09	116.83	110.62
1	A	3408	GLY	N-CA-C	6.02	119.95	112.73
1	A	1593	VAL	N-CA-C	-6.00	106.41	113.42
1	A	1502	SER	N-CA-C	-5.71	105.05	111.28
1	A	369	PHE	N-CA-C	5.70	117.29	111.14
1	A	3461	ALA	N-CA-C	5.67	117.47	111.28
1	A	597	ALA	CA-C-N	-5.67	113.92	119.76
1	A	597	ALA	C-N-CA	-5.67	113.92	119.76
1	A	384	MET	N-CA-C	-5.67	105.10	111.28
1	A	3347	CYS	N-CA-C	5.66	117.44	111.28
1	A	1250	LEU	N-CA-C	-5.64	106.75	113.97
1	A	1565	GLU	N-CA-C	-5.61	105.17	111.28
1	A	2153	THR	N-CA-C	5.60	117.54	108.08
1	A	2286	PRO	N-CA-C	-5.50	103.99	110.70
1	A	533	HIS	N-CA-C	-5.47	107.25	114.31
1	A	633	ILE	N-CA-C	5.45	116.18	110.62
1	A	3316	LEU	CA-C-N	5.42	127.49	120.44
1	A	3316	LEU	C-N-CA	5.42	127.49	120.44
1	A	665	GLY	CA-C-N	5.38	127.48	120.28
1	A	665	GLY	C-N-CA	5.38	127.48	120.28
1	A	1070	PRO	N-CA-C	5.35	123.49	112.47
1	A	2569	SER	N-CA-C	-5.34	105.57	113.16
1	A	3891	SER	N-CA-C	5.31	116.95	108.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	535	LEU	N-CA-C	-5.29	105.51	111.28
1	A	640	GLU	CA-C-N	5.21	127.69	120.29
1	A	640	GLU	C-N-CA	5.21	127.69	120.29
1	A	643	GLU	C-N-CD	5.21	146.35	125.00
1	A	1877	LEU	N-CA-C	5.20	116.64	111.07
1	A	1874	TYR	N-CA-C	5.16	121.80	110.80
1	A	491	CYS	N-CA-C	-5.16	106.57	112.92
1	A	660	LEU	CA-C-N	-5.13	114.54	119.87
1	A	660	LEU	C-N-CA	-5.13	114.54	119.87
1	A	1876	ILE	N-CA-C	5.03	115.75	110.62
1	A	1248	PHE	N-CA-C	-5.00	101.98	109.79

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

5.2 Too-close contacts ⓘ

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

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	A	25559	0	23509	2101	0
All	All	25559	0	23509	2101	0

The all-atom clashscore is defined as the number of clashes found per 1000 atoms (including hydrogen atoms). The all-atom clashscore for this structure is 43.

All (2101) close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2546:TYR:CD1	1:A:2554:PHE:CE1	1.81	1.66
1:A:995:PHE:CZ	1:A:1003:SER:N	1.69	1.57
1:A:660:LEU:HD11	1:A:733:LEU:CD2	1.34	1.54
1:A:488:ILE:HG23	1:A:616:LYS:CE	1.36	1.53
1:A:708:VAL:HG22	1:A:712:LYS:CE	1.33	1.52
1:A:993:HIS:CD2	1:A:1038:LYS:HG2	1.48	1.49
1:A:995:PHE:CE2	1:A:1003:SER:HB3	1.46	1.46
1:A:995:PHE:CE2	1:A:1003:SER:CB	1.99	1.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:488:ILE:CG2	1:A:616:LYS:HE3	0.99	1.44
1:A:995:PHE:CE2	1:A:1003:SER:CA	1.99	1.43
1:A:708:VAL:CG2	1:A:712:LYS:HE2	1.49	1.42
1:A:2552:VAL:HG13	1:A:2553:HIS:ND1	1.35	1.41
1:A:1874:TYR:OH	1:A:1885:PRO:CG	1.70	1.40
1:A:1984:LEU:CD1	1:A:1985:LYS:HG2	1.50	1.39
1:A:993:HIS:HD2	1:A:1038:LYS:CG	1.33	1.39
1:A:1871:MET:SD	1:A:1874:TYR:CD1	2.17	1.37
1:A:995:PHE:CE2	1:A:1003:SER:N	1.93	1.36
1:A:488:ILE:CG2	1:A:616:LYS:CE	1.93	1.36
1:A:4081:ALA:O	1:A:4110:GLN:NE2	1.57	1.34
1:A:418:ALA:CB	1:A:463:LYS:HB3	1.59	1.33
1:A:660:LEU:CD1	1:A:733:LEU:HD21	1.56	1.33
1:A:995:PHE:CZ	1:A:1002:GLU:C	2.07	1.33
1:A:3978:GLY:O	1:A:3980:MET:N	1.61	1.32
1:A:651:TYR:O	1:A:652:GLU:HG2	1.17	1.30
1:A:882:SER:CB	1:A:3892:THR:OG1	1.79	1.30
1:A:3287:ARG:HA	1:A:3293:CYS:CB	1.59	1.30
1:A:3501:HIS:O	1:A:3505:LEU:CD1	1.79	1.30
1:A:639:ALA:HA	1:A:703:CYS:SG	1.72	1.29
1:A:2068:ARG:O	1:A:2069:ARG:CG	1.81	1.28
1:A:658:THR:O	1:A:661:PRO:HD2	1.10	1.27
1:A:2068:ARG:O	1:A:2069:ARG:HG3	1.16	1.26
1:A:531:PHE:O	1:A:534:LEU:HD13	1.20	1.26
1:A:3509:ASP:O	1:A:3514:VAL:CB	1.82	1.26
1:A:1974:ASN:CB	1:A:1984:LEU:CD2	2.14	1.26
1:A:3501:HIS:O	1:A:3505:LEU:HD13	1.32	1.25
1:A:995:PHE:HZ	1:A:1002:GLU:C	1.41	1.23
1:A:995:PHE:CD2	1:A:1003:SER:HB3	1.72	1.23
1:A:610:ALA:O	1:A:614:PRO:HD3	1.09	1.22
1:A:3461:ALA:O	1:A:3465:PHE:CD2	1.92	1.22
1:A:2546:TYR:CE1	1:A:2554:PHE:CE1	2.27	1.21
1:A:3832:PRO:O	1:A:3835:PRO:HD2	1.05	1.21
1:A:531:PHE:HA	1:A:534:LEU:CD1	1.70	1.21
1:A:3515:GLN:NE2	1:A:3551:ASN:HB3	1.53	1.21
1:A:1874:TYR:OH	1:A:1885:PRO:HG2	1.04	1.20
1:A:2554:PHE:HA	1:A:2557:LEU:CD1	1.69	1.20
1:A:1520:ALA:O	1:A:1524:LEU:CD1	1.90	1.19
1:A:1874:TYR:CZ	1:A:1885:PRO:HG2	1.74	1.19
1:A:653:LEU:HD12	1:A:656:GLN:HG3	1.20	1.19
1:A:1871:MET:SD	1:A:1874:TYR:CE1	2.34	1.18

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:711:GLY:O	1:A:714:VAL:HG12	1.43	1.18
1:A:2561:PHE:O	1:A:2565:MET:HE2	1.03	1.18
1:A:3506:LEU:CD1	1:A:3514:VAL:O	1.91	1.18
1:A:1501:PRO:CA	1:A:1505:LEU:HB3	1.72	1.18
1:A:1875:LYS:CB	1:A:1907:GLU:HG2	1.72	1.18
1:A:1974:ASN:CB	1:A:1984:LEU:HD21	1.70	1.18
1:A:3832:PRO:O	1:A:3835:PRO:CD	1.90	1.18
1:A:2554:PHE:CA	1:A:2557:LEU:HD13	1.74	1.17
1:A:3172:LYS:CB	1:A:3179:TRP:CD1	2.27	1.17
1:A:3236:PHE:HZ	1:A:3271:ASP:HB2	1.10	1.17
1:A:2808:LEU:O	1:A:2812:LEU:HD13	1.46	1.16
1:A:882:SER:HB3	1:A:3892:THR:OG1	0.99	1.15
1:A:2546:TYR:CE1	1:A:2554:PHE:HE1	1.61	1.15
1:A:3141:PHE:O	1:A:3145:ILE:HG12	1.44	1.15
1:A:2561:PHE:O	1:A:2565:MET:CE	1.95	1.15
1:A:2561:PHE:C	1:A:2565:MET:HE2	1.72	1.14
1:A:1984:LEU:HD12	1:A:1985:LYS:N	1.60	1.14
1:A:3236:PHE:CZ	1:A:3271:ASP:HB2	1.82	1.14
1:A:995:PHE:HE2	1:A:1003:SER:CB	1.44	1.13
1:A:3461:ALA:O	1:A:3465:PHE:HD2	1.23	1.13
1:A:610:ALA:O	1:A:614:PRO:CD	1.96	1.13
1:A:1871:MET:HE1	1:A:1874:TYR:CE1	1.83	1.12
1:A:708:VAL:O	1:A:712:LYS:HG2	1.49	1.11
1:A:2562:LEU:HD23	1:A:2565:MET:HE1	1.17	1.11
1:A:531:PHE:HA	1:A:534:LEU:HD11	1.22	1.11
1:A:531:PHE:C	1:A:534:LEU:HD13	1.75	1.11
1:A:2546:TYR:HD1	1:A:2554:PHE:CE1	1.35	1.10
1:A:2562:LEU:HA	1:A:2565:MET:CE	1.81	1.10
1:A:651:TYR:O	1:A:652:GLU:CG	1.98	1.10
1:A:1521:PHE:HA	1:A:1524:LEU:HD13	1.26	1.10
1:A:488:ILE:HG21	1:A:616:LYS:HE3	1.15	1.10
1:A:3515:GLN:NE2	1:A:3551:ASN:CB	2.13	1.10
1:A:1083:ASN:HA	1:A:1086:TYR:CE1	1.85	1.09
1:A:3832:PRO:C	1:A:3835:PRO:HD2	1.78	1.09
1:A:3917:ILE:HD12	1:A:3991:PHE:CZ	1.87	1.09
1:A:3119:VAL:HG22	1:A:3899:ALA:HB2	1.12	1.09
1:A:2098:THR:HG22	1:A:2146:LEU:CD1	1.83	1.09
1:A:1501:PRO:HB3	1:A:1505:LEU:HD23	1.23	1.08
1:A:1984:LEU:HD11	1:A:1985:LYS:HG2	1.12	1.08
1:A:1733:THR:HG23	1:A:1877:LEU:CB	1.83	1.07
1:A:531:PHE:CA	1:A:534:LEU:CD1	2.31	1.06

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2126:MET:HE3	1:A:2159:PRO:CB	1.85	1.06
1:A:1874:TYR:OH	1:A:1885:PRO:CB	2.01	1.06
1:A:2552:VAL:HG13	1:A:2553:HIS:CE1	1.89	1.06
1:A:3178:ILE:HA	1:A:3181:ASP:HB2	1.36	1.05
1:A:658:THR:C	1:A:661:PRO:HD2	1.80	1.05
1:A:1871:MET:HE1	1:A:1874:TYR:HE1	1.10	1.05
1:A:1452:VAL:HG21	1:A:1502:SER:CB	1.87	1.05
1:A:714:VAL:HG13	1:A:715:ALA:H	1.22	1.04
1:A:882:SER:CB	1:A:3892:THR:HG1	1.61	1.04
1:A:1871:MET:CE	1:A:1874:TYR:CE1	2.40	1.04
1:A:2098:THR:HG22	1:A:2146:LEU:HD13	1.06	1.04
1:A:717:LYS:HE2	1:A:717:LYS:HA	1.38	1.04
1:A:1501:PRO:HA	1:A:1505:LEU:HB3	1.30	1.04
1:A:385:TYR:CZ	1:A:389:ILE:HD11	1.93	1.03
1:A:418:ALA:CB	1:A:463:LYS:CB	2.35	1.03
1:A:706:LEU:O	1:A:710:PHE:CB	2.06	1.03
1:A:3119:VAL:HG22	1:A:3899:ALA:CB	1.88	1.03
1:A:653:LEU:CD1	1:A:656:GLN:HG3	1.88	1.03
1:A:658:THR:O	1:A:661:PRO:CD	2.05	1.03
1:A:3574:ALA:HB1	1:A:3628:PHE:CB	1.87	1.03
1:A:653:LEU:HD12	1:A:656:GLN:CG	1.88	1.03
1:A:2549:LYS:NZ	1:A:2554:PHE:HB2	1.74	1.03
1:A:3160:LEU:O	1:A:3163:THR:HG22	1.57	1.03
1:A:3506:LEU:HD13	1:A:3514:VAL:O	1.58	1.03
1:A:657:SER:O	1:A:660:LEU:HG	1.58	1.02
1:A:1501:PRO:CB	1:A:1505:LEU:HB3	1.89	1.02
1:A:4066:LEU:O	1:A:4066:LEU:HD12	1.59	1.02
1:A:1501:PRO:HB3	1:A:1505:LEU:CD2	1.89	1.02
1:A:2562:LEU:CD2	1:A:2565:MET:HE1	1.88	1.02
1:A:418:ALA:HB1	1:A:463:LYS:HB3	1.02	1.02
1:A:3977:THR:HG22	1:A:3978:GLY:H	1.25	1.01
1:A:654:ILE:CD1	1:A:726:LEU:CB	2.38	1.01
1:A:2126:MET:HE3	1:A:2159:PRO:HB3	1.37	1.01
1:A:3119:VAL:CG2	1:A:3899:ALA:HB2	1.88	1.01
1:A:4070:LYS:CB	1:A:4074:PHE:CB	2.38	1.01
1:A:2546:TYR:CD1	1:A:2554:PHE:CD1	2.49	1.01
1:A:3235:LYS:O	1:A:3239:LYS:HB2	1.60	1.01
1:A:708:VAL:CG2	1:A:712:LYS:CE	2.23	1.00
1:A:3283:LEU:CD2	1:A:3296:GLN:CB	2.39	1.00
1:A:3506:LEU:HD12	1:A:3514:VAL:O	1.58	1.00
1:A:3506:LEU:HD21	1:A:3518:VAL:CA	1.92	1.00

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2552:VAL:CG1	1:A:2553:HIS:ND1	2.24	1.00
1:A:1501:PRO:O	1:A:1506:SER:N	1.96	0.99
1:A:654:ILE:CG2	1:A:729:CYS:HB2	1.92	0.99
1:A:3236:PHE:CZ	1:A:3268:THR:OG1	2.15	0.99
1:A:2098:THR:CG2	1:A:2146:LEU:HD13	1.93	0.99
1:A:1984:LEU:CD1	1:A:1985:LYS:CG	2.41	0.98
1:A:995:PHE:CE1	1:A:1002:GLU:HB3	1.99	0.98
1:A:1984:LEU:HD12	1:A:1985:LYS:HG2	1.45	0.97
1:A:480:SER:HA	1:A:483:VAL:HG22	1.43	0.97
1:A:993:HIS:CD2	1:A:1038:LYS:CG	2.24	0.97
1:A:2562:LEU:HD23	1:A:2565:MET:CE	1.93	0.97
1:A:992:ILE:HD12	1:A:993:HIS:H	1.28	0.97
1:A:1070:PRO:HG3	1:A:3741:ARG:HB3	1.46	0.97
1:A:611:ASN:O	1:A:614:PRO:HD2	1.65	0.97
1:A:1520:ALA:O	1:A:1524:LEU:HD13	1.62	0.97
1:A:657:SER:O	1:A:661:PRO:HD3	1.64	0.96
1:A:707:PHE:O	1:A:711:GLY:N	1.98	0.96
1:A:3172:LYS:CB	1:A:3179:TRP:NE1	2.28	0.96
1:A:706:LEU:O	1:A:710:PHE:N	1.97	0.96
1:A:2100:LEU:HD21	1:A:2104:MET:CG	1.94	0.96
1:A:531:PHE:CA	1:A:534:LEU:HD11	1.94	0.96
1:A:611:ASN:C	1:A:614:PRO:HD2	1.89	0.96
1:A:380:ASP:O	1:A:383:PHE:HE2	1.49	0.95
1:A:654:ILE:HD11	1:A:726:LEU:CB	1.95	0.95
1:A:531:PHE:O	1:A:534:LEU:CD1	2.13	0.95
1:A:3287:ARG:CA	1:A:3293:CYS:CB	2.44	0.95
1:A:654:ILE:CG2	1:A:729:CYS:CB	2.45	0.95
1:A:715:ALA:HB2	1:A:734:LEU:HD13	1.45	0.95
1:A:4014:LYS:H	1:A:4038:TRP:HZ3	1.05	0.95
1:A:660:LEU:HD12	1:A:661:PRO:N	1.82	0.94
1:A:4082:ARG:O	1:A:4086:ASP:CB	2.15	0.94
1:A:653:LEU:CD1	1:A:656:GLN:H	1.81	0.94
1:A:1501:PRO:HA	1:A:1505:LEU:CB	1.98	0.94
1:A:455:LEU:HD12	1:A:456:VAL:N	1.83	0.94
1:A:2562:LEU:HA	1:A:2565:MET:HE3	1.50	0.93
1:A:3506:LEU:HD21	1:A:3518:VAL:HA	1.51	0.93
1:A:3917:ILE:HD12	1:A:3991:PHE:CE1	2.02	0.93
1:A:2869:LEU:CB	1:A:2892:LEU:HD12	1.98	0.93
1:A:1081:ALA:O	1:A:1085:ILE:HG12	1.68	0.93
1:A:534:LEU:O	1:A:538:ASP:N	2.02	0.93
1:A:4085:LYS:O	1:A:4089:ILE:N	2.01	0.93

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2552:VAL:CG1	1:A:2553:HIS:CE1	2.51	0.93
1:A:1083:ASN:HD22	1:A:1107:TYR:HE2	1.13	0.92
1:A:639:ALA:CA	1:A:703:CYS:SG	2.57	0.92
1:A:3190:LEU:HD21	1:A:3235:LYS:HE2	1.51	0.92
1:A:706:LEU:O	1:A:710:PHE:HB2	1.69	0.92
1:A:385:TYR:CZ	1:A:389:ILE:CD1	2.52	0.92
1:A:995:PHE:CE2	1:A:1003:SER:HA	2.02	0.92
1:A:3178:ILE:HA	1:A:3181:ASP:CB	2.00	0.92
1:A:3515:GLN:HE22	1:A:3551:ASN:HB3	1.17	0.92
1:A:661:PRO:HG3	1:A:733:LEU:HD23	1.52	0.91
1:A:1501:PRO:HB3	1:A:1505:LEU:HB3	1.50	0.91
1:A:3505:LEU:HD12	1:A:3505:LEU:H	1.34	0.91
1:A:357:LYS:HB3	1:A:360:SER:HB2	1.52	0.91
1:A:1521:PHE:CA	1:A:1524:LEU:HD13	2.00	0.91
1:A:2546:TYR:HD1	1:A:2554:PHE:CD1	1.86	0.91
1:A:2510:LEU:HD21	1:A:2522:ARG:HE	1.34	0.91
1:A:2097:LEU:CD2	1:A:2143:ARG:HG2	1.99	0.91
1:A:2147:ALA:O	1:A:2151:ILE:HG12	1.69	0.91
1:A:2163:HIS:O	1:A:2167:PRO:HD3	1.70	0.91
1:A:2163:HIS:O	1:A:2167:PRO:CD	2.19	0.91
1:A:633:ILE:O	1:A:637:LYS:CB	2.20	0.90
1:A:385:TYR:HE1	1:A:421:LEU:HD11	1.35	0.89
1:A:2126:MET:CE	1:A:2159:PRO:CB	2.49	0.89
1:A:995:PHE:HZ	1:A:1002:GLU:CA	1.84	0.89
1:A:2312:TYR:CZ	1:A:2316:TYR:HA	2.08	0.89
1:A:642:PHE:CB	1:A:703:CYS:SG	2.61	0.89
1:A:1045:THR:HB	1:A:1048:GLN:HB3	1.53	0.89
1:A:3236:PHE:CE1	1:A:3268:THR:OG1	2.26	0.89
1:A:640:GLU:O	1:A:644:PRO:HD3	1.71	0.89
1:A:2100:LEU:HD21	1:A:2104:MET:HG2	1.54	0.89
1:A:2223:VAL:HG11	1:A:2238:ILE:HD11	1.54	0.89
1:A:2549:LYS:HZ3	1:A:2554:PHE:HB2	1.35	0.89
1:A:1501:PRO:CB	1:A:1505:LEU:HD23	2.03	0.88
1:A:637:LYS:O	1:A:641:PHE:HB3	1.73	0.88
1:A:1520:ALA:O	1:A:1524:LEU:HD12	1.70	0.88
1:A:2068:ARG:C	1:A:2069:ARG:HG3	1.97	0.88
1:A:3576:ASP:O	1:A:3579:SER:OG	1.90	0.88
1:A:352:VAL:HG23	1:A:357:LYS:H	1.38	0.88
1:A:1452:VAL:CG2	1:A:1502:SER:CB	2.51	0.88
1:A:1552:HIS:O	1:A:1555:HIS:ND1	2.04	0.88
1:A:2546:TYR:CD1	1:A:2554:PHE:HE1	1.50	0.88

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:715:ALA:HB2	1:A:734:LEU:CD1	2.04	0.87
1:A:2312:TYR:OH	1:A:2316:TYR:HA	1.74	0.87
1:A:3164:TRP:HB3	1:A:3168:TYR:HE2	1.40	0.87
1:A:660:LEU:HD11	1:A:733:LEU:HD23	1.56	0.87
1:A:660:LEU:CD1	1:A:733:LEU:CD2	2.29	0.87
1:A:1874:TYR:HH	1:A:1885:PRO:HG2	1.06	0.87
1:A:3978:GLY:C	1:A:3980:MET:N	2.32	0.87
1:A:1083:ASN:HA	1:A:1086:TYR:HE1	1.35	0.87
1:A:2068:ARG:O	1:A:2069:ARG:CB	2.23	0.86
1:A:422:LEU:HD21	1:A:466:LEU:HG	1.57	0.86
1:A:418:ALA:HB1	1:A:463:LYS:CB	1.97	0.86
1:A:3130:GLN:OE1	1:A:3178:ILE:CD1	2.24	0.86
1:A:528:VAL:CG1	1:A:619:ASP:OD1	2.24	0.86
1:A:1083:ASN:ND2	1:A:1107:TYR:HE2	1.73	0.86
1:A:1245:ARG:O	1:A:1250:LEU:CD1	2.23	0.86
1:A:2546:TYR:CD1	1:A:2554:PHE:CZ	2.64	0.86
1:A:1871:MET:HA	1:A:1874:TYR:HB2	1.57	0.86
1:A:531:PHE:C	1:A:534:LEU:CD1	2.47	0.85
1:A:459:ARG:O	1:A:462:VAL:HG12	1.75	0.85
1:A:661:PRO:HA	1:A:664:SER:OG	1.76	0.85
1:A:2152:ASN:OD1	1:A:2153:THR:N	2.09	0.85
1:A:2564:GLU:OE1	1:A:2571:ASP:OD2	1.94	0.85
1:A:2566:THR:O	1:A:2567:SER:OG	1.94	0.85
1:A:995:PHE:CZ	1:A:1003:SER:CA	2.43	0.85
1:A:711:GLY:O	1:A:714:VAL:CG1	2.24	0.85
1:A:715:ALA:O	1:A:719:LYS:N	2.09	0.84
1:A:1562:LEU:HD23	1:A:1562:LEU:H	1.42	0.84
1:A:3977:THR:HG22	1:A:3978:GLY:N	1.89	0.84
1:A:992:ILE:HD12	1:A:993:HIS:N	1.92	0.84
1:A:3978:GLY:C	1:A:3980:MET:H	1.84	0.84
1:A:488:ILE:HG23	1:A:616:LYS:HE2	1.56	0.84
1:A:3247:ARG:HB2	1:A:3278:GLN:HE22	1.43	0.84
1:A:649:PHE:O	1:A:650:SER:OG	1.94	0.84
1:A:3291:GLN:O	1:A:3295:GLU:HG2	1.79	0.83
1:A:385:TYR:HE1	1:A:421:LEU:CD1	1.92	0.83
1:A:3174:ASP:N	1:A:3175:PRO:HD2	1.93	0.83
1:A:3178:ILE:H	1:A:3178:ILE:HD12	1.43	0.83
1:A:3505:LEU:HA	1:A:3509:ASP:CB	2.09	0.83
1:A:3574:ALA:CB	1:A:3628:PHE:CB	2.55	0.83
1:A:661:PRO:HG3	1:A:733:LEU:CD2	2.09	0.83
1:A:2555:LEU:HD23	1:A:2555:LEU:H	1.42	0.83

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1073:PHE:O	1:A:1075:ARG:N	2.12	0.83
1:A:369:PHE:CB	1:A:416:SER:HB3	2.08	0.83
1:A:385:TYR:CE2	1:A:389:ILE:HD12	2.14	0.83
1:A:3247:ARG:HH21	1:A:3278:GLN:HA	1.44	0.83
1:A:717:LYS:HA	1:A:717:LYS:CE	2.08	0.83
1:A:1730:PRO:HG3	1:A:1869:LYS:HB3	1.59	0.82
1:A:3917:ILE:CD1	1:A:3991:PHE:CE1	2.60	0.82
1:A:1939:LEU:HD12	1:A:1986:ARG:HH22	1.44	0.82
1:A:2546:TYR:CE1	1:A:2554:PHE:CD1	2.66	0.82
1:A:262:LEU:HD13	1:A:306:VAL:HG11	1.59	0.82
1:A:560:LEU:HD12	1:A:561:ASN:HD22	1.44	0.82
1:A:1500:LEU:O	1:A:1504:ASP:N	2.13	0.82
1:A:654:ILE:HG21	1:A:729:CYS:HB2	1.62	0.82
1:A:1294:VAL:O	1:A:1298:LEU:N	2.12	0.82
1:A:1083:ASN:ND2	1:A:1107:TYR:CE2	2.48	0.81
1:A:3582:GLU:HA	1:A:3585:PHE:HD2	1.43	0.81
1:A:654:ILE:HD12	1:A:726:LEU:CB	2.11	0.81
1:A:2126:MET:HE3	1:A:2159:PRO:CG	2.10	0.81
1:A:3190:LEU:HD11	1:A:3235:LYS:HG2	1.61	0.81
1:A:308:LEU:HB3	1:A:311:ALA:HB3	1.62	0.81
1:A:531:PHE:CA	1:A:534:LEU:HD13	2.06	0.81
1:A:651:TYR:C	1:A:652:GLU:HG2	2.06	0.81
1:A:3506:LEU:HD11	1:A:3515:GLN:HA	1.62	0.81
1:A:2231:PHE:O	1:A:2234:ASN:ND2	2.13	0.80
1:A:1070:PRO:HG2	1:A:3741:ARG:HH21	1.44	0.80
1:A:2153:THR:HG23	1:A:2154:GLU:H	1.43	0.80
1:A:634:LEU:O	1:A:638:GLN:CB	2.29	0.80
1:A:639:ALA:O	1:A:643:GLU:HG3	1.80	0.80
1:A:2046:SER:OG	1:A:2096:PRO:HG3	1.79	0.80
1:A:1963:GLN:HA	1:A:1966:LEU:HB2	1.64	0.80
1:A:4076:ASP:O	1:A:4080:VAL:HG23	1.81	0.80
1:A:2100:LEU:CD2	1:A:2104:MET:CG	2.59	0.80
1:A:1169:VAL:HA	1:A:1172:LEU:HD12	1.63	0.80
1:A:610:ALA:C	1:A:614:PRO:HD3	2.07	0.80
1:A:368:LEU:HD13	1:A:388:LEU:HD22	1.62	0.80
1:A:994:TRP:CZ2	1:A:2775:TYR:O	2.35	0.80
1:A:1019:ASP:O	1:A:1021:VAL:N	2.14	0.79
1:A:3283:LEU:HG	1:A:3300:VAL:HG21	1.64	0.79
1:A:1974:ASN:CB	1:A:1984:LEU:HD23	2.11	0.79
1:A:995:PHE:CD2	1:A:1003:SER:CB	2.49	0.79
1:A:380:ASP:O	1:A:383:PHE:CE2	2.36	0.79

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3283:LEU:HD21	1:A:3296:GLN:CB	2.12	0.79
1:A:3461:ALA:O	1:A:3465:PHE:CE2	2.36	0.79
1:A:3830:SER:HA	1:A:3833:ARG:HB3	1.64	0.79
1:A:658:THR:C	1:A:661:PRO:CD	2.53	0.79
1:A:3992:ARG:HH22	1:A:4100:GLU:HA	1.48	0.79
1:A:461:ILE:O	1:A:464:VAL:HG22	1.83	0.79
1:A:390:GLN:HG3	1:A:393:LYS:HE3	1.65	0.79
1:A:2528:GLU:HG3	1:A:2529:THR:HG23	1.64	0.78
1:A:4079:ALA:O	1:A:4084:SER:N	2.16	0.78
1:A:864:GLY:O	1:A:868:LYS:NZ	2.14	0.78
1:A:1521:PHE:HA	1:A:1524:LEU:CD1	2.13	0.78
1:A:2280:VAL:HG23	1:A:2281:MET:HG3	1.65	0.78
1:A:708:VAL:CG2	1:A:712:LYS:NZ	2.46	0.78
1:A:2400:VAL:O	1:A:2403:CYS:SG	2.40	0.78
1:A:994:TRP:CD1	1:A:994:TRP:H	2.02	0.78
1:A:3152:SER:O	1:A:3156:PRO:HD2	1.82	0.78
1:A:3501:HIS:O	1:A:3505:LEU:HD11	1.80	0.78
1:A:995:PHE:HE1	1:A:1002:GLU:HB3	1.45	0.78
1:A:245:SER:HA	1:A:249:PHE:HD2	1.49	0.78
1:A:2806:LYS:HA	1:A:2809:PHE:CE2	2.19	0.78
1:A:714:VAL:CG2	1:A:734:LEU:HD21	2.14	0.77
1:A:2100:LEU:HD21	1:A:2104:MET:HG3	1.65	0.77
1:A:870:LEU:HA	1:A:873:VAL:HB	1.66	0.77
1:A:557:SER:O	1:A:561:ASN:HB2	1.85	0.77
1:A:2868:LEU:HD13	1:A:2868:LEU:O	1.84	0.77
1:A:3284:SER:HA	1:A:3287:ARG:HE	1.48	0.77
1:A:488:ILE:HG21	1:A:616:LYS:CE	1.85	0.77
1:A:1245:ARG:C	1:A:1250:LEU:CD1	2.58	0.76
1:A:2097:LEU:HD23	1:A:2143:ARG:HG2	1.65	0.76
1:A:3315:TYR:CB	1:A:3318:LYS:H	1.99	0.76
1:A:461:ILE:O	1:A:465:PHE:HD2	1.68	0.76
1:A:3348:LEU:CB	1:A:3352:GLU:OE2	2.33	0.76
1:A:3515:GLN:HE22	1:A:3551:ASN:CB	1.89	0.76
1:A:3236:PHE:HZ	1:A:3271:ASP:CB	1.94	0.76
1:A:3457:ASN:HB2	1:A:3459:ASN:OD1	1.84	0.76
1:A:3809:THR:HA	1:A:3931:ALA:HA	1.68	0.76
1:A:1045:THR:OG1	1:A:1049:GLN:NE2	2.19	0.76
1:A:3348:LEU:CA	1:A:3352:GLU:OE2	2.34	0.76
1:A:654:ILE:HG23	1:A:729:CYS:HB2	1.68	0.76
1:A:1939:LEU:CD1	1:A:1986:ARG:HH12	1.98	0.76
1:A:1982:ILE:O	1:A:1986:ARG:HG3	1.86	0.76

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3506:LEU:HD22	1:A:3517:SER:C	2.11	0.75
1:A:3568:ILE:HD12	1:A:3568:ILE:N	2.01	0.75
1:A:1295:ALA:O	1:A:1299:GLU:CB	2.35	0.75
1:A:1501:PRO:HB3	1:A:1505:LEU:CB	2.15	0.75
1:A:2510:LEU:HD23	1:A:2522:ARG:HG2	1.67	0.75
1:A:3164:TRP:O	1:A:3168:TYR:CD2	2.40	0.75
1:A:3506:LEU:HD12	1:A:3514:VAL:C	2.10	0.75
1:A:2779:ASP:O	1:A:2783:ILE:HG12	1.86	0.75
1:A:3141:PHE:O	1:A:3145:ILE:CG1	2.32	0.75
1:A:3178:ILE:HA	1:A:3181:ASP:CG	2.11	0.75
1:A:422:LEU:HG	1:A:467:ALA:HB2	1.66	0.75
1:A:3832:PRO:O	1:A:3836:PRO:HD3	1.87	0.75
1:A:3283:LEU:HD12	1:A:3328:ILE:HD13	1.69	0.75
1:A:2156:VAL:HG12	1:A:2159:PRO:CD	2.17	0.74
1:A:3144:PHE:O	1:A:3149:GLY:N	2.20	0.74
1:A:3420:CYS:HA	1:A:3423:GLN:HB3	1.68	0.74
1:A:2564:GLU:CD	1:A:2571:ASP:OD2	2.29	0.74
1:A:332:GLU:OE2	1:A:335:LYS:NZ	2.17	0.74
1:A:449:TYR:CB	1:A:453:MET:SD	2.75	0.74
1:A:641:PHE:O	1:A:644:PRO:HD2	1.87	0.74
1:A:2477:LEU:HA	1:A:2480:ILE:HG22	1.69	0.74
1:A:2510:LEU:CD2	1:A:2522:ARG:HE	2.01	0.74
1:A:3978:GLY:O	1:A:3979:LEU:C	2.30	0.74
1:A:993:HIS:HD2	1:A:1038:LYS:HG2	0.59	0.74
1:A:2569:SER:N	1:A:2570:PRO:HD2	2.03	0.74
1:A:3505:LEU:HD12	1:A:3505:LEU:N	2.02	0.74
1:A:4002:MET:SD	1:A:4048:LYS:NZ	2.58	0.74
1:A:484:HIS:O	1:A:487:LEU:N	2.21	0.74
1:A:3235:LYS:O	1:A:3239:LYS:CB	2.34	0.74
1:A:3515:GLN:O	1:A:3518:VAL:N	2.17	0.74
1:A:2125:TRP:O	1:A:2127:LYS:N	2.21	0.73
1:A:2510:LEU:CD2	1:A:2522:ARG:HG2	2.17	0.73
1:A:3144:PHE:O	1:A:3148:GLN:CB	2.36	0.73
1:A:2565:MET:O	1:A:2566:THR:HG22	1.88	0.73
1:A:3917:ILE:CD1	1:A:3991:PHE:CD1	2.72	0.73
1:A:488:ILE:CG2	1:A:616:LYS:CD	2.66	0.73
1:A:708:VAL:HG22	1:A:712:LYS:NZ	2.03	0.73
1:A:2549:LYS:HZ2	1:A:2554:PHE:HB2	1.51	0.73
1:A:653:LEU:HD13	1:A:653:LEU:C	2.14	0.73
1:A:663:ILE:HD12	1:A:663:ILE:N	2.02	0.73
1:A:763:THR:O	1:A:767:GLU:N	2.21	0.73

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3107:ILE:HG12	1:A:3135:LEU:HD13	1.70	0.73
1:A:3910:LEU:O	1:A:3914:SER:OG	2.04	0.73
1:A:2033:ASP:O	1:A:2037:SER:OG	2.06	0.73
1:A:3506:LEU:CD1	1:A:3515:GLN:HA	2.17	0.73
1:A:993:HIS:CE1	1:A:997:ASN:HD22	2.07	0.73
1:A:2153:THR:HG23	1:A:2154:GLU:N	2.04	0.73
1:A:3582:GLU:HA	1:A:3585:PHE:CD2	2.24	0.73
1:A:995:PHE:CZ	1:A:1002:GLU:HB3	2.24	0.73
1:A:1984:LEU:HD11	1:A:1985:LYS:CG	2.06	0.73
1:A:3164:TRP:HB3	1:A:3168:TYR:CE2	2.24	0.73
1:A:2126:MET:CE	1:A:2159:PRO:HB3	2.13	0.72
1:A:3768:PHE:CZ	1:A:3918:LEU:HD11	2.23	0.72
1:A:455:LEU:HD12	1:A:456:VAL:H	1.54	0.72
1:A:654:ILE:HG21	1:A:729:CYS:CB	2.16	0.72
1:A:3183:ILE:HD12	1:A:3242:MET:HG3	1.71	0.72
1:A:714:VAL:CG1	1:A:734:LEU:HD21	2.18	0.72
1:A:2126:MET:HE3	1:A:2159:PRO:HG3	1.72	0.72
1:A:1468:LEU:HD12	1:A:1510:LEU:HD13	1.71	0.72
1:A:169:THR:O	1:A:173:LYS:NZ	2.22	0.72
1:A:1562:LEU:HD23	1:A:1562:LEU:N	2.05	0.72
1:A:1870:LYS:O	1:A:1874:TYR:HD1	1.73	0.72
1:A:3130:GLN:OE1	1:A:3178:ILE:HG12	1.89	0.72
1:A:3743:HIS:O	1:A:3745:GLU:N	2.18	0.72
1:A:2840:PHE:HA	1:A:2843:PHE:HD1	1.55	0.72
1:A:3917:ILE:HD13	1:A:3991:PHE:CD1	2.24	0.72
1:A:3178:ILE:HD12	1:A:3178:ILE:N	2.04	0.72
1:A:1501:PRO:HA	1:A:1505:LEU:H	1.54	0.71
1:A:3496:ILE:HG21	1:A:3707:GLY:HA2	1.70	0.71
1:A:2163:HIS:O	1:A:2167:PRO:HD2	1.90	0.71
1:A:3447:VAL:HA	1:A:3450:MET:HE2	1.72	0.71
1:A:1520:ALA:C	1:A:1524:LEU:HD13	2.15	0.71
1:A:2190:VAL:HA	1:A:2193:ILE:HG22	1.70	0.71
1:A:3739:ILE:HD13	1:A:3749:PRO:HB3	1.73	0.71
1:A:1564:SER:O	1:A:1567:ILE:HG22	1.89	0.71
1:A:3348:LEU:O	1:A:3352:GLU:HB2	1.90	0.71
1:A:534:LEU:H	1:A:534:LEU:HD12	1.56	0.71
1:A:613:HIS:CE1	1:A:656:GLN:CG	2.74	0.71
1:A:2869:LEU:CB	1:A:2892:LEU:CD1	2.68	0.71
1:A:3227:ILE:O	1:A:3231:ILE:HG13	1.90	0.71
1:A:3231:ILE:HG22	1:A:3235:LYS:HE3	1.71	0.71
1:A:2095:ALA:O	1:A:2098:THR:OG1	2.07	0.71

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:995:PHE:HZ	1:A:1003:SER:N	1.34	0.71
1:A:2555:LEU:H	1:A:2555:LEU:CD2	2.04	0.71
1:A:651:TYR:O	1:A:652:GLU:CB	2.38	0.70
1:A:655:LEU:HD22	1:A:655:LEU:N	2.05	0.70
1:A:3506:LEU:HD13	1:A:3517:SER:HB2	1.73	0.70
1:A:3525:TYR:OH	1:A:3561:LYS:O	2.09	0.70
1:A:3917:ILE:CD1	1:A:3991:PHE:CZ	2.69	0.70
1:A:3978:GLY:O	1:A:3980:MET:CA	2.38	0.70
1:A:2144:LEU:HB3	1:A:2148:LYS:HE3	1.71	0.70
1:A:655:LEU:HD22	1:A:655:LEU:H	1.55	0.70
1:A:3495:PHE:HA	1:A:3498:TRP:CZ2	2.26	0.70
1:A:660:LEU:HD12	1:A:661:PRO:CD	2.21	0.70
1:A:3506:LEU:HD21	1:A:3518:VAL:N	2.06	0.70
1:A:3633:ILE:O	1:A:3637:GLY:N	2.25	0.70
1:A:258:PRO:HB2	1:A:261:ASP:HB2	1.73	0.70
1:A:266:ALA:HB2	1:A:308:LEU:HG	1.73	0.70
1:A:2156:VAL:HG12	1:A:2159:PRO:HD3	1.73	0.70
1:A:3251:ASN:OD1	1:A:3252:PHE:N	2.23	0.70
1:A:263:LYS:HG3	1:A:308:LEU:HD21	1.74	0.70
1:A:1501:PRO:O	1:A:1505:LEU:N	2.25	0.70
1:A:1984:LEU:HD12	1:A:1985:LYS:CG	2.16	0.70
1:A:488:ILE:HD13	1:A:616:LYS:NZ	2.07	0.70
1:A:660:LEU:HD11	1:A:733:LEU:HD21	0.70	0.70
1:A:3108:GLN:HA	1:A:3111:MET:HG3	1.74	0.70
1:A:3765:GLU:HA	1:A:3768:PHE:HB2	1.74	0.69
1:A:3830:SER:CA	1:A:3833:ARG:HB3	2.20	0.69
1:A:3153:SER:CB	1:A:3197:LEU:HD12	2.22	0.69
1:A:4055:ASN:ND2	1:A:4097:GLY:O	2.24	0.69
1:A:452:LYS:O	1:A:455:LEU:HG	1.92	0.69
1:A:1157:PHE:H	1:A:1158:PRO:HD2	1.57	0.69
1:A:1914:THR:O	1:A:1916:ILE:N	2.26	0.69
1:A:714:VAL:HG22	1:A:734:LEU:HD21	1.74	0.69
1:A:2555:LEU:O	1:A:2559:THR:HG23	1.91	0.69
1:A:3237:SER:O	1:A:3240:MET:N	2.24	0.69
1:A:3768:PHE:CZ	1:A:3918:LEU:CD1	2.76	0.69
1:A:2126:MET:CE	1:A:2159:PRO:HG3	2.23	0.69
1:A:3077:ILE:HD13	1:A:3080:LEU:HD12	1.72	0.69
1:A:1564:SER:O	1:A:1567:ILE:CG2	2.41	0.69
1:A:479:ILE:O	1:A:483:VAL:HG13	1.92	0.69
1:A:534:LEU:HD12	1:A:534:LEU:N	2.07	0.69
1:A:613:HIS:CE1	1:A:656:GLN:HG3	2.27	0.69

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2869:LEU:N	1:A:2892:LEU:HD11	2.07	0.69
1:A:3072:GLU:HA	1:A:3076:ALA:HB3	1.75	0.69
1:A:3137:GLU:OE1	1:A:3186:ARG:NH2	2.25	0.69
1:A:3505:LEU:CD1	1:A:3505:LEU:H	2.04	0.69
1:A:640:GLU:O	1:A:643:GLU:HB2	1.91	0.69
1:A:1559:PHE:O	1:A:1563:PHE:CE2	2.46	0.69
1:A:1958:GLU:HA	1:A:1961:PHE:CZ	2.28	0.69
1:A:1984:LEU:HD12	1:A:1984:LEU:C	2.18	0.69
1:A:556:SER:O	1:A:559:SER:OG	2.04	0.68
1:A:881:LYS:O	1:A:882:SER:OG	2.11	0.68
1:A:1933:LEU:HD13	1:A:1938:ARG:HH21	1.57	0.68
1:A:646:VAL:HG11	1:A:706:LEU:HD13	1.76	0.68
1:A:1070:PRO:CG	1:A:3741:ARG:HD3	2.23	0.68
1:A:1562:LEU:H	1:A:1562:LEU:CD2	2.06	0.68
1:A:1733:THR:CG2	1:A:1877:LEU:CB	2.68	0.68
1:A:1938:ARG:HA	1:A:1941:HIS:HB2	1.76	0.68
1:A:3829:LEU:C	1:A:3829:LEU:HD13	2.17	0.68
1:A:3972:LEU:CB	1:A:3973:PRO:HD3	2.23	0.68
1:A:2555:LEU:HD23	1:A:2555:LEU:N	2.06	0.68
1:A:4050:LYS:HA	1:A:4054:ALA:HB3	1.75	0.68
1:A:4082:ARG:O	1:A:4086:ASP:N	2.26	0.68
1:A:1292:LYS:HZ3	1:A:1362:ASP:HA	1.57	0.68
1:A:1501:PRO:HB3	1:A:1505:LEU:CG	2.24	0.68
1:A:2534:ASN:HB3	1:A:2537:ASP:HB2	1.75	0.68
1:A:418:ALA:HB2	1:A:463:LYS:CB	2.24	0.68
1:A:3884:LYS:HA	1:A:3887:PHE:HB2	1.75	0.68
1:A:1120:SER:O	1:A:1122:GLY:N	2.25	0.68
1:A:2100:LEU:HD23	1:A:2100:LEU:O	1.93	0.68
1:A:1681:ASP:OD1	1:A:1682:THR:N	2.27	0.68
1:A:1939:LEU:HD13	1:A:1986:ARG:HH12	1.59	0.68
1:A:1874:TYR:OH	1:A:1885:PRO:HB2	1.94	0.67
1:A:3178:ILE:CD1	1:A:3178:ILE:H	2.07	0.67
1:A:2871:LEU:HB3	1:A:2873:PRO:HD3	1.75	0.67
1:A:3968:ILE:HD11	1:A:3975:LYS:HA	1.76	0.67
1:A:85:ILE:HA	1:A:88:PHE:CE1	2.30	0.67
1:A:1430:GLU:HB2	1:A:1448:LEU:HD21	1.76	0.67
1:A:2539:LEU:HD13	1:A:2542:LEU:HD21	1.75	0.67
1:A:3977:THR:HG21	1:A:3981:TYR:N	2.10	0.67
1:A:275:PHE:O	1:A:279:ALA:N	2.20	0.67
1:A:1582:LEU:HA	1:A:1585:SER:HB3	1.76	0.67
1:A:2958:LEU:C	1:A:2960:GLU:H	2.02	0.67

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1939:LEU:HD12	1:A:1986:ARG:NH2	2.08	0.67
1:A:2144:LEU:HA	1:A:2147:ALA:HB3	1.76	0.67
1:A:3167:ARG:HH11	1:A:3186:ARG:NH1	1.92	0.67
1:A:3900:LEU:HD21	1:A:3934:THR:HA	1.75	0.67
1:A:611:ASN:C	1:A:614:PRO:CD	2.68	0.67
1:A:2100:LEU:HD23	1:A:2100:LEU:C	2.19	0.67
1:A:2437:ASP:HA	1:A:2472:GLN:HG2	1.76	0.67
1:A:3293:CYS:O	1:A:3297:VAL:HG23	1.95	0.67
1:A:3515:GLN:HE21	1:A:3551:ASN:CB	2.01	0.67
1:A:528:VAL:HG11	1:A:619:ASP:OD1	1.94	0.66
1:A:1871:MET:CA	1:A:1874:TYR:HB2	2.25	0.66
1:A:3174:ASP:N	1:A:3175:PRO:CD	2.59	0.66
1:A:3758:LEU:O	1:A:3795:PRO:HB3	1.95	0.66
1:A:3797:THR:O	1:A:3799:ARG:N	2.27	0.66
1:A:3879:PRO:HA	1:A:3882:LEU:HB2	1.77	0.66
1:A:528:VAL:HG13	1:A:619:ASP:OD1	1.93	0.66
1:A:993:HIS:CD2	1:A:1038:LYS:CD	2.77	0.66
1:A:3283:LEU:HD23	1:A:3296:GLN:CB	2.25	0.66
1:A:642:PHE:O	1:A:646:VAL:HG23	1.96	0.66
1:A:3291:GLN:HG3	1:A:3295:GLU:OE2	1.95	0.66
1:A:2139:PRO:O	1:A:2141:ASN:N	2.29	0.66
1:A:1000:LYS:O	1:A:1002:GLU:N	2.26	0.66
1:A:2517:LEU:HA	1:A:2520:ILE:HG22	1.78	0.66
1:A:2887:PRO:O	1:A:2890:ILE:HG12	1.96	0.66
1:A:3977:THR:CG2	1:A:3978:GLY:H	1.96	0.66
1:A:1070:PRO:CD	1:A:3741:ARG:HD3	2.26	0.66
1:A:654:ILE:CG2	1:A:729:CYS:HB3	2.26	0.66
1:A:2312:TYR:CE1	1:A:2316:TYR:HA	2.31	0.66
1:A:3787:GLN:HG3	1:A:3788:LEU:H	1.59	0.66
1:A:3924:HIS:HB2	1:A:3927:ASN:HD22	1.61	0.66
1:A:290:TYR:HB3	1:A:293:LEU:HB3	1.75	0.66
1:A:455:LEU:HD12	1:A:456:VAL:HG23	1.78	0.66
1:A:613:HIS:NE2	1:A:656:GLN:HG2	2.11	0.66
1:A:2402:LEU:O	1:A:2405:VAL:HG22	1.95	0.66
1:A:1148:ALA:HA	1:A:1151:ARG:HH21	1.61	0.66
1:A:2046:SER:CB	1:A:2096:PRO:HG3	2.25	0.65
1:A:2553:HIS:HA	1:A:2555:LEU:CD2	2.24	0.65
1:A:3913:ILE:HG21	1:A:3987:ALA:HB1	1.79	0.65
1:A:2312:TYR:H	1:A:2312:TYR:HD2	1.45	0.65
1:A:2998:SER:HA	1:A:3001:CYS:HB2	1.78	0.65
1:A:1373:VAL:C	1:A:1375:THR:H	2.05	0.65

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3324:ARG:O	1:A:3327:ASN:HB2	1.95	0.65
1:A:105:VAL:HG22	1:A:108:LYS:HZ3	1.61	0.65
1:A:706:LEU:O	1:A:710:PHE:CA	2.44	0.65
1:A:1874:TYR:HH	1:A:1885:PRO:CG	1.80	0.65
1:A:3130:GLN:OE1	1:A:3178:ILE:CG1	2.45	0.65
1:A:3825:LYS:O	1:A:3829:LEU:N	2.29	0.65
1:A:3164:TRP:HZ3	1:A:3238:MET:HB2	1.61	0.65
1:A:306:VAL:C	1:A:308:LEU:H	2.04	0.65
1:A:1097:GLU:HA	1:A:1100:VAL:HG12	1.78	0.65
1:A:331:ALA:HB3	1:A:333:MET:HG2	1.79	0.65
1:A:385:TYR:CZ	1:A:389:ILE:HD12	2.30	0.65
1:A:2317:ALA:O	1:A:2320:ALA:N	2.29	0.65
1:A:3164:TRP:O	1:A:3168:TYR:HD2	1.79	0.65
1:A:3812:LEU:HD23	1:A:3812:LEU:H	1.62	0.65
1:A:3930:VAL:HG12	1:A:3937:VAL:HG22	1.79	0.65
1:A:238:MET:O	1:A:239:GLU:HG2	1.96	0.65
1:A:370:ALA:C	1:A:372:PRO:HD3	2.22	0.65
1:A:1166:LEU:HA	1:A:1169:VAL:HB	1.77	0.65
1:A:1711:ARG:HH12	1:A:1743:MET:HB3	1.62	0.65
1:A:633:ILE:O	1:A:637:LYS:N	2.27	0.64
1:A:2126:MET:CE	1:A:2159:PRO:CG	2.75	0.64
1:A:334:HIS:O	1:A:336:ASN:N	2.23	0.64
1:A:2152:ASN:O	1:A:2153:THR:HG22	1.96	0.64
1:A:1362:ASP:HB2	1:A:1365:ASN:HB2	1.79	0.64
1:A:3138:ILE:HD13	1:A:3189:PHE:HZ	1.62	0.64
1:A:4044:ILE:O	1:A:4048:LYS:HB2	1.98	0.64
1:A:385:TYR:OH	1:A:389:ILE:HD11	1.97	0.64
1:A:763:THR:HA	1:A:768:VAL:HG23	1.80	0.64
1:A:3966:GLN:HA	1:A:3969:ASN:HB2	1.79	0.64
1:A:989:MET:O	1:A:992:ILE:HD11	1.97	0.64
1:A:1427:SER:HB2	1:A:1428:ILE:HD12	1.78	0.64
1:A:3517:SER:HA	1:A:3520:GLU:HB2	1.80	0.64
1:A:4081:ALA:C	1:A:4110:GLN:NE2	2.54	0.64
1:A:620:PHE:O	1:A:623:PHE:O	2.15	0.64
1:A:646:VAL:HG21	1:A:706:LEU:HD13	1.79	0.64
1:A:928:VAL:HG23	1:A:929:ALA:H	1.63	0.64
1:A:1245:ARG:C	1:A:1250:LEU:HD13	2.23	0.64
1:A:2492:ASP:HB3	1:A:2495:SER:HB3	1.79	0.64
1:A:3471:ILE:HG23	1:A:3472:ILE:HG13	1.78	0.64
1:A:2405:VAL:HG11	1:A:2438:ILE:HG12	1.79	0.64
1:A:714:VAL:HG13	1:A:734:LEU:HD21	1.80	0.64

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3071:GLY:O	1:A:3076:ALA:N	2.31	0.64
1:A:488:ILE:HG23	1:A:616:LYS:HE3	0.63	0.63
1:A:629:PHE:CB	1:A:633:ILE:HD12	2.28	0.63
1:A:1157:PHE:HE2	1:A:1165:LEU:HD22	1.63	0.63
1:A:4047:ALA:O	1:A:4051:LEU:HD13	1.98	0.63
1:A:1500:LEU:HA	1:A:1503:LEU:HB2	1.80	0.63
1:A:2569:SER:N	1:A:2570:PRO:CD	2.62	0.63
1:A:162:LEU:HD11	1:A:196:LEU:HD21	1.79	0.63
1:A:1871:MET:SD	1:A:1874:TYR:CG	2.90	0.63
1:A:1939:LEU:CD1	1:A:1986:ARG:NH1	2.61	0.63
1:A:1969:GLU:O	1:A:1972:GLU:OE2	2.16	0.63
1:A:3177:ASN:O	1:A:3180:ASP:HB3	1.98	0.63
1:A:752:LEU:HD21	1:A:776:TRP:HE1	1.63	0.63
1:A:1874:TYR:CE1	1:A:1885:PRO:CG	2.81	0.63
1:A:1874:TYR:CE1	1:A:1885:PRO:HG2	2.32	0.63
1:A:2100:LEU:CD2	1:A:2104:MET:HG3	2.27	0.63
1:A:3290:SER:O	1:A:3335:ARG:NH1	2.31	0.63
1:A:1295:ALA:HA	1:A:1298:LEU:HB3	1.80	0.63
1:A:3829:LEU:CD1	1:A:3833:ARG:HH21	2.12	0.63
1:A:4085:LYS:O	1:A:4088:ASN:C	2.41	0.63
1:A:534:LEU:CD1	1:A:534:LEU:H	2.11	0.63
1:A:3636:PHE:O	1:A:3640:PHE:N	2.32	0.63
1:A:4080:VAL:HG11	1:A:4116:ILE:CB	2.28	0.63
1:A:1737:ASN:O	1:A:1739:TYR:N	2.32	0.63
1:A:3506:LEU:CD2	1:A:3518:VAL:HA	2.27	0.63
1:A:636:GLU:O	1:A:641:PHE:HB2	1.99	0.63
1:A:924:ARG:O	1:A:928:VAL:N	2.28	0.63
1:A:1217:VAL:HG22	1:A:1271:ILE:HA	1.80	0.63
1:A:1879:VAL:CG2	1:A:1920:TYR:HA	2.28	0.63
1:A:371:GLY:N	1:A:372:PRO:HD3	2.13	0.63
1:A:614:PRO:O	1:A:617:PRO:HD2	1.99	0.63
1:A:1028:PHE:O	1:A:1031:ARG:HG2	1.98	0.63
1:A:1245:ARG:C	1:A:1250:LEU:HD12	2.23	0.63
1:A:2024:TYR:O	1:A:2045:PHE:CE1	2.52	0.63
1:A:410:MET:C	1:A:442:GLN:HE22	2.06	0.62
1:A:272:LEU:HD23	1:A:275:PHE:HD2	1.64	0.62
1:A:968:VAL:HA	1:A:971:ARG:HG2	1.80	0.62
1:A:2100:LEU:CD2	1:A:2104:MET:HG2	2.27	0.62
1:A:2506:LEU:O	1:A:2510:LEU:CD2	2.47	0.62
1:A:3515:GLN:NE2	1:A:3551:ASN:HB2	2.12	0.62
1:A:3919:GLY:O	1:A:3920:ILE:HG22	1.99	0.62

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:79:ARG:O	1:A:83:GLU:N	2.28	0.62
1:A:1082:PHE:O	1:A:1086:TYR:CD1	2.52	0.62
1:A:1419:LEU:O	1:A:1421:GLU:N	2.31	0.62
1:A:3005:LEU:HD21	1:A:3046:ARG:HH11	1.65	0.62
1:A:3173:MET:C	1:A:3175:PRO:HD2	2.23	0.62
1:A:706:LEU:O	1:A:710:PHE:HB3	1.97	0.62
1:A:2147:ALA:O	1:A:2151:ILE:CG1	2.46	0.62
1:A:947:GLN:C	1:A:949:PRO:HD3	2.24	0.62
1:A:1984:LEU:HD12	1:A:1985:LYS:CA	2.30	0.62
1:A:385:TYR:CE1	1:A:421:LEU:CD1	2.79	0.62
1:A:729:CYS:HA	1:A:732:PHE:CZ	2.34	0.62
1:A:944:LYS:C	1:A:946:THR:H	2.07	0.62
1:A:1890:HIS:O	1:A:1892:LYS:N	2.33	0.62
1:A:2562:LEU:CA	1:A:2565:MET:CE	2.70	0.62
1:A:989:MET:O	1:A:992:ILE:CD1	2.47	0.62
1:A:2552:VAL:O	1:A:2553:HIS:HB2	1.99	0.62
1:A:3030:ILE:O	1:A:3034:PRO:HD3	1.99	0.62
1:A:3450:MET:HG2	1:A:3451:LEU:HD13	1.82	0.62
1:A:3832:PRO:O	1:A:3835:PRO:CG	2.46	0.62
1:A:291:VAL:HA	1:A:294:PHE:CE1	2.35	0.62
1:A:745:VAL:HG13	1:A:749:VAL:HG13	1.80	0.62
1:A:3496:ILE:O	1:A:3498:TRP:N	2.32	0.62
1:A:646:VAL:HG21	1:A:706:LEU:CD1	2.29	0.62
1:A:3329:LEU:O	1:A:3332:THR:OG1	2.15	0.62
1:A:3738:ILE:O	1:A:3750:PHE:N	2.21	0.62
1:A:3883:LEU:HD22	1:A:3970:LEU:HD13	1.81	0.62
1:A:613:HIS:CE1	1:A:656:GLN:HG2	2.35	0.61
1:A:660:LEU:HG	1:A:661:PRO:HD3	1.82	0.61
1:A:2564:GLU:OE2	1:A:2571:ASP:OD2	2.17	0.61
1:A:3177:ASN:O	1:A:3181:ASP:N	2.32	0.61
1:A:3178:ILE:CA	1:A:3181:ASP:HB2	2.20	0.61
1:A:131:LEU:HD11	1:A:173:LYS:HZ1	1.64	0.61
1:A:1070:PRO:HG2	1:A:3741:ARG:NH2	2.15	0.61
1:A:670:LEU:O	1:A:673:THR:N	2.34	0.61
1:A:1082:PHE:O	1:A:1086:TYR:HD1	1.83	0.61
1:A:2987:THR:O	1:A:2991:LYS:N	2.33	0.61
1:A:527:TYR:CG	1:A:528:VAL:N	2.68	0.61
1:A:1128:CYS:HA	1:A:1131:ILE:HD12	1.81	0.61
1:A:2352:HIS:HB3	1:A:2360:PHE:CE2	2.36	0.61
1:A:3739:ILE:HA	1:A:3749:PRO:HA	1.83	0.61
1:A:978:GLN:HG3	1:A:981:ARG:HH21	1.65	0.61

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2401:VAL:HG12	1:A:2438:ILE:HD13	1.82	0.61
1:A:3164:TRP:CZ3	1:A:3238:MET:HB2	2.35	0.61
1:A:862:LEU:HB3	1:A:865:GLN:HB2	1.82	0.61
1:A:1106:ILE:O	1:A:1110:SER:OG	2.16	0.61
1:A:2920:VAL:HA	1:A:2923:TRP:HB3	1.82	0.61
1:A:3125:ARG:O	1:A:3129:LEU:HB2	2.00	0.61
1:A:3829:LEU:HD13	1:A:3829:LEU:O	2.00	0.61
1:A:1985:LYS:HA	1:A:1988:TYR:HB3	1.81	0.61
1:A:4013:TRP:C	1:A:4015:ASN:H	2.08	0.61
1:A:382:ASP:O	1:A:385:TYR:HB3	2.00	0.61
1:A:3007:GLU:HB3	1:A:3050:LYS:HG2	1.82	0.61
1:A:725:LEU:O	1:A:728:SER:HB2	2.01	0.61
1:A:1147:LYS:O	1:A:1151:ARG:NE	2.34	0.61
1:A:1476:HIS:HB3	1:A:1507:CYS:HB2	1.83	0.61
1:A:1874:TYR:CZ	1:A:1885:PRO:CG	2.56	0.61
1:A:3772:ASN:HB2	1:A:3787:GLN:CD	2.25	0.61
1:A:429:GLU:O	1:A:431:TYR:N	2.27	0.61
1:A:850:GLU:HG3	1:A:853:ILE:HD12	1.81	0.61
1:A:970:LEU:HD11	1:A:1031:ARG:NH2	2.16	0.61
1:A:1160:SER:O	1:A:1162:SER:OG	2.17	0.61
1:A:3351:ILE:HG23	1:A:3355:LYS:HD2	1.83	0.61
1:A:775:GLU:HA	1:A:778:ILE:HG22	1.83	0.60
1:A:3923:ARG:O	1:A:3962:ARG:NH2	2.31	0.60
1:A:1933:LEU:HD23	1:A:1937:ARG:HG2	1.83	0.60
1:A:2151:ILE:O	1:A:2151:ILE:HG22	2.01	0.60
1:A:3194:GLU:OE1	1:A:3231:ILE:HG21	2.01	0.60
1:A:4056:PRO:HD3	1:A:4098:LEU:HA	1.83	0.60
1:A:714:VAL:CG2	1:A:734:LEU:CD2	2.79	0.60
1:A:3036:TYR:O	1:A:3038:GLU:N	2.27	0.60
1:A:3670:MET:N	1:A:3670:MET:SD	2.74	0.60
1:A:495:VAL:HG12	1:A:495:VAL:O	2.02	0.60
1:A:1930:GLU:OE2	1:A:1987:ARG:NH1	2.34	0.60
1:A:2433:LYS:HE2	1:A:2461:PHE:HE1	1.66	0.60
1:A:2554:PHE:HA	1:A:2557:LEU:HD13	0.78	0.60
1:A:3042:PRO:O	1:A:3045:ILE:HG12	2.01	0.60
1:A:1236:LEU:HD22	1:A:1257:LEU:HD13	1.83	0.60
1:A:1686:LEU:HD21	1:A:1727:ARG:HH22	1.67	0.60
1:A:786:GLN:HB2	1:A:787:PRO:HD3	1.84	0.60
1:A:2806:LYS:HG3	1:A:2859:GLN:HB2	1.83	0.60
1:A:3476:PRO:O	1:A:3480:LEU:N	2.34	0.60
1:A:284:THR:OG1	1:A:326:MET:SD	2.58	0.60

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:655:LEU:H	1:A:655:LEU:CD2	2.14	0.60
1:A:1999:GLU:O	1:A:2001:LYS:N	2.33	0.60
1:A:2352:HIS:HB3	1:A:2360:PHE:CD2	2.37	0.60
1:A:1083:ASN:CA	1:A:1086:TYR:CE1	2.76	0.60
1:A:2871:LEU:HD22	1:A:2873:PRO:HB3	1.84	0.60
1:A:2379:MET:HE3	1:A:2415:LEU:HD23	1.82	0.60
1:A:267:VAL:HG23	1:A:268:PRO:HD3	1.83	0.60
1:A:453:MET:O	1:A:457:CYS:SG	2.59	0.60
1:A:2833:THR:HA	1:A:2836:LEU:HG	1.84	0.60
1:A:3506:LEU:CD2	1:A:3518:VAL:N	2.64	0.59
1:A:19:LEU:HD13	1:A:34:LEU:HD11	1.82	0.59
1:A:931:CYS:HB2	1:A:984:TYR:OH	2.02	0.59
1:A:1294:VAL:HG12	1:A:1298:LEU:HB2	1.83	0.59
1:A:1558:TYR:C	1:A:1562:LEU:HD22	2.27	0.59
1:A:2032:ALA:O	1:A:2034:SER:N	2.32	0.59
1:A:3821:SER:O	1:A:3825:LYS:N	2.35	0.59
1:A:2317:ALA:O	1:A:2318:ALA:C	2.45	0.59
1:A:2435:CYS:HA	1:A:2438:ILE:HD12	1.83	0.59
1:A:2952:ILE:O	1:A:2955:SER:OG	2.15	0.59
1:A:104:SER:HA	1:A:107:ILE:HD12	1.85	0.59
1:A:484:HIS:CE1	1:A:619:ASP:OD2	2.55	0.59
1:A:942:LEU:HD13	1:A:2783:ILE:HD13	1.85	0.59
1:A:974:CYS:HA	1:A:981:ARG:HD3	1.84	0.59
1:A:1142:HIS:CG	1:A:1143:VAL:H	2.19	0.59
1:A:2440:TYR:HD2	1:A:2443:MET:HG3	1.66	0.59
1:A:2546:TYR:HD1	1:A:2554:PHE:CZ	2.06	0.59
1:A:632:GLU:C	1:A:635:PRO:HD2	2.27	0.59
1:A:867:ASN:C	1:A:869:ASN:H	2.11	0.59
1:A:995:PHE:CZ	1:A:1003:SER:HA	2.31	0.59
1:A:1028:PHE:O	1:A:1031:ARG:N	2.28	0.59
1:A:3353:GLU:HB2	1:A:3377:LEU:HD11	1.83	0.59
1:A:989:MET:HA	1:A:992:ILE:HG13	1.82	0.59
1:A:2028:LEU:HD12	1:A:2028:LEU:N	2.18	0.59
1:A:3236:PHE:CZ	1:A:3271:ASP:CB	2.73	0.59
1:A:3924:HIS:N	1:A:3927:ASN:HB2	2.18	0.59
1:A:381:VAL:HB	1:A:384:MET:HE2	1.85	0.59
1:A:531:PHE:C	1:A:533:HIS:H	2.11	0.59
1:A:965:THR:HG23	1:A:965:THR:O	2.01	0.59
1:A:1245:ARG:O	1:A:1250:LEU:HD13	2.02	0.59
1:A:2222:HIS:C	1:A:2224:PHE:H	2.10	0.59
1:A:3048:LYS:O	1:A:3052:LEU:N	2.35	0.59

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3829:LEU:HD12	1:A:3833:ARG:NH2	2.18	0.59
1:A:249:PHE:O	1:A:253:LEU:HG	2.02	0.59
1:A:1129:ASP:C	1:A:1131:ILE:H	2.10	0.59
1:A:1578:ALA:HB1	1:A:1582:LEU:HD11	1.84	0.59
1:A:1597:LEU:O	1:A:1600:MET:N	2.32	0.59
1:A:2910:VAL:HG13	1:A:2915:ARG:NH1	2.17	0.59
1:A:382:ASP:OD1	1:A:382:ASP:N	2.35	0.59
1:A:462:VAL:O	1:A:466:LEU:N	2.30	0.59
1:A:2097:LEU:HD22	1:A:2143:ARG:HG2	1.83	0.59
1:A:2315:VAL:O	1:A:2315:VAL:HG12	2.03	0.59
1:A:4040:PRO:O	1:A:4042:GLN:N	2.34	0.59
1:A:1548:GLY:O	1:A:1552:HIS:ND1	2.36	0.58
1:A:2348:GLN:O	1:A:2352:HIS:ND1	2.36	0.58
1:A:3637:GLY:HA2	1:A:3640:PHE:HB2	1.84	0.58
1:A:637:LYS:C	1:A:641:PHE:HB3	2.28	0.58
1:A:1941:HIS:O	1:A:1945:TYR:HB2	2.03	0.58
1:A:2510:LEU:CD2	1:A:2522:ARG:CG	2.81	0.58
1:A:3506:LEU:CD2	1:A:3517:SER:C	2.75	0.58
1:A:272:LEU:HA	1:A:275:PHE:HB2	1.86	0.58
1:A:341:PHE:CD2	1:A:342:MET:HG3	2.38	0.58
1:A:488:ILE:HG21	1:A:616:LYS:CG	2.34	0.58
1:A:995:PHE:CZ	1:A:1002:GLU:CA	2.71	0.58
1:A:1002:GLU:HA	1:A:1004:GLN:HE22	1.68	0.58
1:A:1010:LEU:HB2	1:A:1028:PHE:CE1	2.38	0.58
1:A:1044:ILE:O	1:A:1049:GLN:NE2	2.35	0.58
1:A:2853:PRO:O	1:A:2855:VAL:N	2.31	0.58
1:A:437:HIS:HA	1:A:440:VAL:HG12	1.84	0.58
1:A:632:GLU:O	1:A:635:PRO:HD2	2.04	0.58
1:A:653:LEU:HD21	1:A:655:LEU:HD23	1.85	0.58
1:A:653:LEU:HD11	1:A:656:GLN:H	1.63	0.58
1:A:785:MET:HE3	1:A:788:TYR:HB3	1.86	0.58
1:A:995:PHE:CZ	1:A:1002:GLU:CB	2.86	0.58
1:A:1115:HIS:O	1:A:1118:GLU:N	2.25	0.58
1:A:1559:PHE:O	1:A:1563:PHE:HE2	1.86	0.58
1:A:534:LEU:HA	1:A:537:SER:OG	2.03	0.58
1:A:1292:LYS:NZ	1:A:1362:ASP:HA	2.17	0.58
1:A:2265:PRO:C	1:A:2267:SER:H	2.11	0.58
1:A:2312:TYR:CE1	1:A:2316:TYR:CA	2.86	0.58
1:A:2319:ALA:O	1:A:2322:VAL:HG22	2.03	0.58
1:A:3178:ILE:HA	1:A:3181:ASP:OD2	2.03	0.58
1:A:4082:ARG:HA	1:A:4091:ALA:CB	2.32	0.58

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:335:LYS:HZ3	1:A:378:ALA:HB2	1.68	0.58
1:A:3505:LEU:CA	1:A:3509:ASP:CB	2.81	0.58
1:A:4050:LYS:HB2	1:A:4055:ASN:OD1	2.04	0.58
1:A:3283:LEU:HD21	1:A:3296:GLN:C	2.28	0.58
1:A:1871:MET:CE	1:A:1874:TYR:HE1	1.90	0.58
1:A:2093:CYS:O	1:A:2096:PRO:HD2	2.02	0.58
1:A:2922:ARG:HA	1:A:2930:TYR:HD1	1.69	0.58
1:A:574:LYS:O	1:A:578:LYS:N	2.35	0.58
1:A:3005:LEU:HD21	1:A:3046:ARG:NH1	2.18	0.58
1:A:3297:VAL:HA	1:A:3300:VAL:HG22	1.86	0.58
1:A:488:ILE:HG21	1:A:616:LYS:HG2	1.85	0.57
1:A:2139:PRO:C	1:A:2141:ASN:H	2.12	0.57
1:A:2375:ALA:HB2	1:A:2407:GLY:HA3	1.86	0.57
1:A:3788:LEU:HD22	1:A:3910:LEU:HB3	1.86	0.57
1:A:172:GLU:HG3	1:A:173:LYS:HD3	1.86	0.57
1:A:534:LEU:HD22	1:A:623:PHE:HE1	1.67	0.57
1:A:995:PHE:CE1	1:A:1002:GLU:CB	2.81	0.57
1:A:1007:VAL:HA	1:A:1010:LEU:HG	1.86	0.57
1:A:1500:LEU:HD12	1:A:1503:LEU:HB2	1.85	0.57
1:A:1911:LEU:HD13	1:A:1916:ILE:HG21	1.86	0.57
1:A:2027:SER:O	1:A:2028:LEU:HB2	2.03	0.57
1:A:2543:ASN:HA	1:A:2546:TYR:HD2	1.67	0.57
1:A:3117:ILE:HG13	1:A:3117:ILE:O	2.02	0.57
1:A:3351:ILE:HG12	1:A:3355:LYS:HE3	1.86	0.57
1:A:1017:ILE:N	1:A:1025:LEU:HD11	2.19	0.57
1:A:2312:TYR:HD1	1:A:2314:GLU:O	1.87	0.57
1:A:3003:ASN:ND2	1:A:3011:LEU:HB2	2.19	0.57
1:A:3173:MET:CB	1:A:3175:PRO:HD2	2.35	0.57
1:A:3493:TRP:CD2	1:A:3711:PRO:HA	2.40	0.57
1:A:3830:SER:C	1:A:3833:ARG:HB3	2.30	0.57
1:A:132:ILE:HA	1:A:135:LEU:HD12	1.85	0.57
1:A:304:THR:O	1:A:306:VAL:HG22	2.04	0.57
1:A:437:HIS:HB2	1:A:1812:LEU:HD21	1.87	0.57
1:A:637:LYS:HA	1:A:641:PHE:CB	2.34	0.57
1:A:879:MET:HE2	1:A:880:MET:HE3	1.86	0.57
1:A:959:TYR:CZ	1:A:963:LYS:HB2	2.39	0.57
1:A:1556:GLY:HA2	1:A:1559:PHE:HB3	1.86	0.57
1:A:3414:MET:HE1	1:A:3458:SER:HB2	1.85	0.57
1:A:660:LEU:HD12	1:A:660:LEU:C	2.29	0.57
1:A:488:ILE:HD13	1:A:616:LYS:HZ2	1.66	0.57
1:A:610:ALA:O	1:A:614:PRO:CG	2.53	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1879:VAL:HG23	1:A:1920:TYR:HA	1.85	0.57
1:A:1883:ARG:HB2	1:A:1923:PHE:HZ	1.70	0.57
1:A:3348:LEU:O	1:A:3352:GLU:OE2	2.23	0.57
1:A:717:LYS:HE2	1:A:717:LYS:CA	2.20	0.57
1:A:1723:PRO:C	1:A:1725:GLN:H	2.12	0.57
1:A:2361:ILE:HA	1:A:2364:LEU:HB2	1.86	0.57
1:A:2991:LYS:HG2	1:A:2995:GLU:HG2	1.87	0.57
1:A:3156:PRO:HG2	1:A:3159:ARG:CB	2.35	0.57
1:A:3768:PHE:O	1:A:3771:MET:HB2	2.04	0.57
1:A:2470:ARG:HD2	1:A:2513:GLU:OE2	2.05	0.57
1:A:3917:ILE:HD12	1:A:3991:PHE:CE2	2.37	0.57
1:A:138:PHE:O	1:A:141:SER:OG	2.16	0.57
1:A:531:PHE:CB	1:A:534:LEU:HD11	2.34	0.57
1:A:1874:TYR:CD2	1:A:1875:LYS:N	2.73	0.57
1:A:3992:ARG:NE	1:A:4053:GLY:O	2.35	0.57
1:A:1743:MET:SD	1:A:1744:LYS:N	2.77	0.57
1:A:3283:LEU:HD11	1:A:3297:VAL:HG22	1.86	0.57
1:A:3439:LEU:O	1:A:3443:PRO:HD3	2.05	0.57
1:A:1335:CYS:SG	1:A:1391:VAL:HG11	2.45	0.56
1:A:2318:ALA:O	1:A:2322:VAL:HG13	2.04	0.56
1:A:2542:LEU:HD13	1:A:2546:TYR:HE2	1.70	0.56
1:A:2939:LEU:C	1:A:2941:GLY:H	2.13	0.56
1:A:3830:SER:O	1:A:3833:ARG:HB3	2.03	0.56
1:A:1984:LEU:HD12	1:A:1985:LYS:H	1.64	0.56
1:A:3620:PRO:O	1:A:3629:ARG:NH1	2.38	0.56
1:A:105:VAL:HA	1:A:108:LYS:HD3	1.88	0.56
1:A:207:GLN:OE1	1:A:219:VAL:HG11	2.04	0.56
1:A:455:LEU:CD1	1:A:456:VAL:HG23	2.35	0.56
1:A:1165:LEU:O	1:A:1167:ASP:N	2.36	0.56
1:A:1520:ALA:C	1:A:1524:LEU:CD1	2.75	0.56
1:A:2312:TYR:CE1	1:A:2316:TYR:N	2.73	0.56
1:A:2790:LEU:O	1:A:2793:PRO:HD2	2.05	0.56
1:A:3161:LEU:HA	1:A:3164:TRP:HD1	1.69	0.56
1:A:3397:GLN:N	1:A:3398:PRO:HD2	2.20	0.56
1:A:3521:ILE:O	1:A:3525:TYR:N	2.35	0.56
1:A:4070:LYS:CB	1:A:4074:PHE:H	2.18	0.56
1:A:994:TRP:HZ2	1:A:2775:TYR:O	1.85	0.56
1:A:1501:PRO:HA	1:A:1505:LEU:N	2.21	0.56
1:A:1248:PHE:C	1:A:1250:LEU:H	2.14	0.56
1:A:1984:LEU:CD1	1:A:1985:LYS:N	2.53	0.56
1:A:2093:CYS:C	1:A:2096:PRO:HD2	2.30	0.56

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1871:MET:HA	1:A:1874:TYR:CB	2.32	0.56
1:A:2507:ILE:HA	1:A:2510:LEU:HG	1.87	0.56
1:A:4014:LYS:N	1:A:4038:TRP:HZ3	1.89	0.56
1:A:729:CYS:HA	1:A:732:PHE:CE1	2.41	0.56
1:A:1452:VAL:HG11	1:A:1502:SER:CB	2.36	0.56
1:A:2359:LYS:O	1:A:2362:VAL:HG22	2.05	0.56
1:A:3064:PHE:CE1	1:A:3067:LYS:HE2	2.40	0.56
1:A:3506:LEU:CD1	1:A:3515:GLN:CA	2.84	0.56
1:A:3568:ILE:HD12	1:A:3568:ILE:H	1.70	0.56
1:A:3610:TYR:O	1:A:3614:TYR:N	2.39	0.56
1:A:1563:PHE:O	1:A:1566:THR:O	2.23	0.56
1:A:2870:SER:O	1:A:2871:LEU:C	2.48	0.56
1:A:3348:LEU:C	1:A:3352:GLU:OE2	2.49	0.56
1:A:3882:LEU:HD23	1:A:3885:ARG:HH21	1.71	0.56
1:A:352:VAL:HG11	1:A:364:ARG:NH2	2.21	0.56
1:A:971:ARG:HG3	1:A:972:LEU:N	2.20	0.56
1:A:1042:LYS:C	1:A:1044:ILE:H	2.12	0.56
1:A:2454:LEU:O	1:A:2457:PRO:HD2	2.06	0.56
1:A:3241:LYS:HD2	1:A:3242:MET:SD	2.46	0.56
1:A:4124:TRP:HE3	1:A:4126:PRO:HB3	1.70	0.56
1:A:474:VAL:HG22	1:A:1560:TYR:HH	1.71	0.56
1:A:1449:ALA:O	1:A:1453:SER:OG	2.18	0.56
1:A:1905:ILE:HG23	1:A:1951:VAL:HG21	1.88	0.56
1:A:2841:ASN:HA	1:A:2844:LEU:HD22	1.88	0.56
1:A:3671:ASN:O	1:A:3675:LYS:HG2	2.06	0.56
1:A:562:HIS:ND1	1:A:562:HIS:O	2.39	0.55
1:A:763:THR:HG21	1:A:770:LEU:H	1.71	0.55
1:A:1010:LEU:HD12	1:A:1011:GLU:N	2.20	0.55
1:A:1423:ILE:O	1:A:1427:SER:OG	2.18	0.55
1:A:2542:LEU:HD12	1:A:2543:ASN:N	2.21	0.55
1:A:3833:ARG:O	1:A:3837:CYS:HB2	2.06	0.55
1:A:661:PRO:CG	1:A:733:LEU:HD23	2.32	0.55
1:A:2801:ASP:HB3	1:A:2802:PRO:HD3	1.87	0.55
1:A:2917:PRO:HA	1:A:2920:VAL:HG12	1.88	0.55
1:A:3462:ARG:O	1:A:3465:PHE:HB2	2.06	0.55
1:A:3825:LYS:HA	1:A:3828:TYR:HB3	1.87	0.55
1:A:4124:TRP:CE3	1:A:4126:PRO:HB3	2.41	0.55
1:A:622:ALA:O	1:A:623:PHE:HB2	2.06	0.55
1:A:3159:ARG:O	1:A:3162:ASN:HB3	2.07	0.55
1:A:3447:VAL:HG21	1:A:3478:GLU:HB3	1.89	0.55
1:A:3967:PHE:CD1	1:A:3971:MET:HE3	2.41	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:385:TYR:CE1	1:A:389:ILE:HD11	2.39	0.55
1:A:652:GLU:OE1	1:A:652:GLU:HA	2.06	0.55
1:A:1694:THR:HG23	1:A:1695:LEU:HD13	1.89	0.55
1:A:1905:ILE:HG12	1:A:1951:VAL:HG11	1.87	0.55
1:A:1979:GLU:O	1:A:1983:ASP:OD1	2.23	0.55
1:A:2459:VAL:HG13	1:A:2505:VAL:HG22	1.88	0.55
1:A:2858:ILE:HD13	1:A:2861:ILE:HD11	1.88	0.55
1:A:3835:PRO:HG3	1:A:4127:TRP:CH2	2.42	0.55
1:A:714:VAL:HG13	1:A:715:ALA:N	2.03	0.55
1:A:934:LEU:HD23	1:A:937:MET:HE3	1.88	0.55
1:A:4021:LEU:HD23	1:A:4028:ILE:HD12	1.88	0.55
1:A:4056:PRO:O	1:A:4058:VAL:N	2.39	0.55
1:A:287:LEU:HD21	1:A:319:PHE:HZ	1.71	0.55
1:A:653:LEU:HD12	1:A:656:GLN:CB	2.36	0.55
1:A:2358:ASP:OD1	1:A:2359:LYS:N	2.38	0.55
1:A:2922:ARG:O	1:A:2930:TYR:HB3	2.06	0.55
1:A:3003:ASN:HD21	1:A:3011:LEU:HB2	1.70	0.55
1:A:3406:ALA:O	1:A:3407:ALA:HB2	2.07	0.55
1:A:3497:SER:C	1:A:3499:ILE:H	2.15	0.55
1:A:1118:GLU:C	1:A:1120:SER:H	2.15	0.55
1:A:1430:GLU:HB2	1:A:1448:LEU:CD2	2.36	0.55
1:A:2156:VAL:HB	1:A:2159:PRO:HG3	1.88	0.55
1:A:3506:LEU:HD11	1:A:3515:GLN:CA	2.33	0.55
1:A:3706:ASP:CB	1:A:3715:TYR:CD2	2.90	0.55
1:A:1287:GLN:O	1:A:1291:LEU:HG	2.07	0.55
1:A:1553:PHE:O	1:A:1557:GLU:N	2.40	0.55
1:A:1866:GLN:HE22	1:A:1870:LYS:HD2	1.72	0.55
1:A:1996:VAL:HG11	1:A:2047:THR:HB	1.88	0.55
1:A:3130:GLN:OE1	1:A:3178:ILE:HD13	2.07	0.55
1:A:3281:CYS:O	1:A:3284:SER:OG	2.18	0.55
1:A:3407:ALA:O	1:A:3410:ILE:HG22	2.06	0.55
1:A:3538:GLU:HB2	1:A:3797:THR:HA	1.87	0.55
1:A:398:THR:O	1:A:401:ASP:N	2.40	0.55
1:A:1338:VAL:HG13	1:A:1339:VAL:HG13	1.88	0.55
1:A:3977:THR:CG2	1:A:3978:GLY:N	2.59	0.55
1:A:4082:ARG:HA	1:A:4091:ALA:HB3	1.89	0.55
1:A:387:GLU:O	1:A:391:ARG:N	2.36	0.55
1:A:1124:ILE:HG22	1:A:1128:CYS:SG	2.46	0.55
1:A:1166:LEU:O	1:A:1170:LYS:N	2.31	0.55
1:A:1296:PHE:HE1	1:A:1368:LEU:HD23	1.72	0.55
1:A:2204:GLY:HA2	1:A:2208:ASP:CB	2.37	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3730:ALA:HB1	1:A:3734:ARG:HH11	1.72	0.55
1:A:3917:ILE:CD1	1:A:3991:PHE:CE2	2.90	0.55
1:A:3964:THR:HG21	1:A:3966:GLN:HE21	1.72	0.55
1:A:1686:LEU:HD21	1:A:1727:ARG:NH2	2.22	0.54
1:A:2156:VAL:CG1	1:A:2159:PRO:CD	2.85	0.54
1:A:3247:ARG:HB2	1:A:3278:GLN:NE2	2.18	0.54
1:A:3348:LEU:HA	1:A:3352:GLU:OE2	2.08	0.54
1:A:418:ALA:CB	1:A:463:LYS:HB2	2.33	0.54
1:A:777:SER:O	1:A:781:ASP:N	2.40	0.54
1:A:989:MET:HE3	1:A:1034:ARG:HG2	1.89	0.54
1:A:1026:ARG:HA	1:A:1029:CYS:SG	2.46	0.54
1:A:2278:GLY:O	1:A:2281:MET:N	2.40	0.54
1:A:3828:TYR:HA	1:A:3831:ASP:HB2	1.87	0.54
1:A:3972:LEU:CB	1:A:3973:PRO:CD	2.84	0.54
1:A:3790:THR:HG22	1:A:3791:TYR:H	1.72	0.54
1:A:230:LEU:HG	1:A:231:LEU:N	2.20	0.54
1:A:2869:LEU:N	1:A:2892:LEU:CD1	2.70	0.54
1:A:1059:LEU:O	1:A:1063:LEU:HG	2.08	0.54
1:A:1394:HIS:O	1:A:1398:VAL:HG23	2.08	0.54
1:A:3506:LEU:HD21	1:A:3518:VAL:CB	2.37	0.54
1:A:3926:ASN:OD1	1:A:3927:ASN:ND2	2.40	0.54
1:A:1593:VAL:O	1:A:1596:VAL:HG12	2.08	0.54
1:A:3637:GLY:O	1:A:3641:ASP:N	2.39	0.54
1:A:3703:GLY:O	1:A:3704:GLN:CB	2.55	0.54
1:A:3829:LEU:CD1	1:A:3833:ARG:NH2	2.71	0.54
1:A:306:VAL:O	1:A:308:LEU:N	2.40	0.54
1:A:1154:PRO:HB2	1:A:1173:LEU:HD21	1.88	0.54
1:A:1733:THR:N	1:A:1734:PRO:HD3	2.23	0.54
1:A:3911:ILE:HG13	1:A:3912:CYS:N	2.23	0.54
1:A:4088:ASN:O	1:A:4090:ARG:N	2.41	0.54
1:A:172:GLU:HA	1:A:222:GLY:HA3	1.89	0.54
1:A:178:LEU:HD21	1:A:196:LEU:HG	1.90	0.54
1:A:851:ILE:O	1:A:855:VAL:HG23	2.08	0.54
1:A:994:TRP:CD1	1:A:994:TRP:N	2.75	0.54
1:A:2185:MET:O	1:A:2188:GLU:N	2.41	0.54
1:A:3130:GLN:OE1	1:A:3178:ILE:HD11	2.04	0.54
1:A:3291:GLN:HA	1:A:3291:GLN:NE2	2.22	0.54
1:A:3376:GLY:H	1:A:3380:ARG:HH21	1.54	0.54
1:A:257:ARG:HG2	1:A:258:PRO:HD3	1.88	0.54
1:A:760:LEU:HD21	1:A:773:LEU:HD11	1.90	0.54
1:A:882:SER:HB2	1:A:3892:THR:OG1	1.96	0.54

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2506:LEU:O	1:A:2510:LEU:HD21	2.08	0.54
1:A:2525:TRP:C	1:A:2527:HIS:H	2.16	0.54
1:A:4057:ALA:O	1:A:4059:ILE:N	2.41	0.54
1:A:181:LEU:O	1:A:186:PRO:HD3	2.08	0.53
1:A:1737:ASN:HA	1:A:1740:VAL:HG23	1.90	0.53
1:A:1982:ILE:HG22	1:A:1986:ARG:CD	2.38	0.53
1:A:2926:LEU:C	1:A:3126:LEU:HD21	2.32	0.53
1:A:3157:LEU:HD13	1:A:3227:ILE:HA	1.90	0.53
1:A:641:PHE:HA	1:A:644:PRO:CD	2.38	0.53
1:A:673:THR:HG22	1:A:700:LYS:HE2	1.91	0.53
1:A:1018:VAL:HG23	1:A:1019:ASP:H	1.73	0.53
1:A:1559:PHE:O	1:A:1563:PHE:CD2	2.62	0.53
1:A:2287:PRO:C	1:A:2289:ASP:H	2.16	0.53
1:A:970:LEU:HD21	1:A:1031:ARG:NH1	2.23	0.53
1:A:1103:ALA:HA	1:A:1106:ILE:HB	1.90	0.53
1:A:1958:GLU:HA	1:A:1961:PHE:CE1	2.43	0.53
1:A:288:ASP:OD1	1:A:288:ASP:N	2.38	0.53
1:A:413:PHE:O	1:A:416:SER:OG	2.20	0.53
1:A:702:SER:O	1:A:705:ALA:HB3	2.09	0.53
1:A:953:GLN:O	1:A:956:PRO:HD2	2.08	0.53
1:A:1045:THR:O	1:A:1049:GLN:N	2.42	0.53
1:A:1157:PHE:H	1:A:1158:PRO:CD	2.20	0.53
1:A:1259:LEU:HD22	1:A:1340:ARG:HG3	1.89	0.53
1:A:1467:ILE:HG13	1:A:1468:LEU:HG	1.89	0.53
1:A:1711:ARG:NH1	1:A:1743:MET:HB3	2.23	0.53
1:A:1977:ILE:CB	1:A:1980:ASN:CB	2.85	0.53
1:A:2097:LEU:HD23	1:A:2143:ARG:CG	2.35	0.53
1:A:2217:ASN:HA	1:A:2220:MET:HE2	1.90	0.53
1:A:316:LEU:HD21	1:A:363:ILE:HG12	1.91	0.53
1:A:1883:ARG:HB2	1:A:1923:PHE:CZ	2.44	0.53
1:A:2059:PRO:O	1:A:2063:THR:HG23	2.08	0.53
1:A:2312:TYR:CZ	1:A:2316:TYR:CA	2.88	0.53
1:A:2510:LEU:HD22	1:A:2522:ARG:CG	2.39	0.53
1:A:2554:PHE:CD1	1:A:2554:PHE:C	2.85	0.53
1:A:2873:PRO:O	1:A:2876:VAL:HB	2.08	0.53
1:A:240:GLU:O	1:A:244:THR:HG23	2.08	0.53
1:A:1113:LEU:HA	1:A:1165:LEU:HD11	1.91	0.53
1:A:1463:LEU:HD22	1:A:1466:ASN:HB2	1.90	0.53
1:A:2268:LYS:O	1:A:2271:SER:OG	2.25	0.53
1:A:3593:ARG:HG3	1:A:3660:ASN:HB3	1.90	0.53
1:A:3830:SER:HA	1:A:3833:ARG:CB	2.37	0.53

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:4008:GLU:HB3	1:A:4009:PRO:HD3	1.90	0.53
1:A:2313:LYS:O	1:A:2316:TYR:HE2	1.91	0.53
1:A:2440:TYR:CD2	1:A:2443:MET:HG3	2.42	0.53
1:A:3461:ALA:HB1	1:A:3465:PHE:HE2	1.73	0.53
1:A:3619:ASP:HA	1:A:3622:ALA:HB3	1.90	0.53
1:A:414:LEU:O	1:A:417:VAL:HB	2.09	0.53
1:A:418:ALA:HB2	1:A:463:LYS:HB2	1.89	0.53
1:A:750:PRO:O	1:A:752:LEU:N	2.41	0.53
1:A:1037:LEU:O	1:A:1040:SER:N	2.41	0.53
1:A:1121:LEU:C	1:A:1123:THR:H	2.15	0.53
1:A:2126:MET:HE1	1:A:2159:PRO:CB	2.38	0.53
1:A:170:VAL:HA	1:A:173:LYS:HE2	1.90	0.53
1:A:776:TRP:CZ2	1:A:780:ILE:HD12	2.44	0.53
1:A:1863:PHE:O	1:A:1867:ILE:HG12	2.09	0.53
1:A:1982:ILE:CG2	1:A:1986:ARG:HE	2.22	0.53
1:A:2352:HIS:O	1:A:2354:ASN:N	2.32	0.53
1:A:3680:LEU:O	1:A:3682:GLU:N	2.42	0.53
1:A:157:TYR:CD1	1:A:160:LEU:HD21	2.43	0.53
1:A:654:ILE:HG22	1:A:729:CYS:HB3	1.91	0.53
1:A:956:PRO:HB2	1:A:957:PRO:HD3	1.91	0.53
1:A:995:PHE:HD2	1:A:1003:SER:HB3	1.59	0.53
1:A:1330:TYR:O	1:A:1334:LYS:HG2	2.09	0.53
1:A:2365:ASN:OD1	1:A:2366:LYS:N	2.42	0.53
1:A:3535:ILE:O	1:A:3538:GLU:N	2.42	0.53
1:A:74:ASN:OD1	1:A:75:SER:N	2.43	0.52
1:A:484:HIS:ND1	1:A:616:LYS:HE2	2.23	0.52
1:A:715:ALA:CB	1:A:734:LEU:HD13	2.30	0.52
1:A:1157:PHE:CE2	1:A:1165:LEU:HD13	2.44	0.52
1:A:1939:LEU:CD1	1:A:1986:ARG:HH22	2.20	0.52
1:A:2546:TYR:HE1	1:A:2554:PHE:CD1	2.22	0.52
1:A:724:GLU:O	1:A:728:SER:OG	2.14	0.52
1:A:2362:VAL:O	1:A:2365:ASN:ND2	2.42	0.52
1:A:3280:TYR:HB3	1:A:3328:ILE:HD11	1.91	0.52
1:A:992:ILE:O	1:A:996:THR:HG23	2.09	0.52
1:A:1521:PHE:O	1:A:1524:LEU:HB2	2.09	0.52
1:A:2086:ASP:O	1:A:2089:ASN:N	2.41	0.52
1:A:3774:ILE:HD11	1:A:3997:LEU:HD22	1.90	0.52
1:A:1870:LYS:O	1:A:1874:TYR:CD1	2.60	0.52
1:A:3520:GLU:O	1:A:3524:ASN:ND2	2.34	0.52
1:A:3772:ASN:HB2	1:A:3787:GLN:OE1	2.10	0.52
1:A:534:LEU:HD22	1:A:623:PHE:CE1	2.44	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:970:LEU:HD11	1:A:1031:ARG:HH22	1.73	0.52
1:A:2126:MET:CE	1:A:2159:PRO:HB2	2.39	0.52
1:A:3828:TYR:O	1:A:3832:PRO:HD2	2.10	0.52
1:A:19:LEU:HB3	1:A:34:LEU:HD21	1.92	0.52
1:A:493:LYS:N	1:A:494:PRO:CD	2.73	0.52
1:A:1915:LEU:HD12	1:A:1916:ILE:H	1.75	0.52
1:A:2922:ARG:HD3	1:A:2933:ILE:HG13	1.92	0.52
1:A:2995:GLU:O	1:A:2999:LEU:N	2.41	0.52
1:A:3686:TRP:O	1:A:3689:ASP:N	2.40	0.52
1:A:3761:ASP:HA	1:A:3764:VAL:HB	1.92	0.52
1:A:231:LEU:HD22	1:A:234:PHE:HB3	1.92	0.52
1:A:614:PRO:C	1:A:617:PRO:HD2	2.35	0.52
1:A:714:VAL:HG21	1:A:734:LEU:CD2	2.40	0.52
1:A:1559:PHE:C	1:A:1562:LEU:HD21	2.35	0.52
1:A:2314:GLU:OE1	1:A:2314:GLU:HA	2.09	0.52
1:A:2470:ARG:NH1	1:A:2513:GLU:CD	2.68	0.52
1:A:2562:LEU:CA	1:A:2565:MET:HE2	2.37	0.52
1:A:3436:SER:HA	1:A:3439:LEU:HB3	1.92	0.52
1:A:3835:PRO:HB3	1:A:4127:TRP:HH2	1.73	0.52
1:A:1679:LEU:HB3	1:A:1683:LYS:HZ3	1.73	0.52
1:A:1974:ASN:CB	1:A:1984:LEU:HD22	2.32	0.52
1:A:2382:VAL:HA	1:A:2400:VAL:HG11	1.92	0.52
1:A:3831:ASP:O	1:A:3835:PRO:HD3	2.10	0.52
1:A:4062:ASP:N	1:A:4062:ASP:OD1	2.42	0.52
1:A:234:PHE:CZ	1:A:240:GLU:OE1	2.62	0.52
1:A:3100:LYS:O	1:A:3103:ILE:HG22	2.10	0.52
1:A:3816:LEU:O	1:A:3819:THR:HG22	2.10	0.52
1:A:4050:LYS:O	1:A:4055:ASN:N	2.43	0.52
1:A:1411:TYR:HA	1:A:1414:ILE:HD12	1.92	0.52
1:A:1679:LEU:O	1:A:1682:THR:HG22	2.09	0.52
1:A:2464:HIS:HE1	1:A:2466:SER:OG	1.92	0.52
1:A:2945:SER:O	1:A:2947:ILE:N	2.41	0.52
1:A:3005:LEU:HD11	1:A:3181:ASP:OD1	2.10	0.52
1:A:4051:LEU:O	1:A:4053:GLY:N	2.43	0.52
1:A:4075:ARG:O	1:A:4078:VAL:HG22	2.10	0.52
1:A:978:GLN:HA	1:A:981:ARG:HE	1.75	0.51
1:A:1101:PHE:O	1:A:1104:LEU:HB2	2.09	0.51
1:A:3003:ASN:HB2	1:A:3005:LEU:O	2.10	0.51
1:A:3138:ILE:HD13	1:A:3189:PHE:CZ	2.45	0.51
1:A:3237:SER:O	1:A:3238:MET:C	2.54	0.51
1:A:3335:ARG:O	1:A:3337:ILE:HG13	2.10	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1865:THR:O	1:A:1869:LYS:HG2	2.10	0.51
1:A:283:SER:HB3	1:A:287:LEU:HD22	1.92	0.51
1:A:998:ASN:HB3	1:A:999:LYS:HZ2	1.75	0.51
1:A:1563:PHE:HA	1:A:1566:THR:OG1	2.09	0.51
1:A:1654:GLN:HA	1:A:1677:SER:CB	2.41	0.51
1:A:3134:ALA:O	1:A:3138:ILE:HG12	2.10	0.51
1:A:3167:ARG:HB3	1:A:3186:ARG:NH1	2.24	0.51
1:A:3297:VAL:HG11	1:A:3332:THR:HG22	1.91	0.51
1:A:3675:LYS:N	1:A:3676:PRO:HD2	2.26	0.51
1:A:227:LEU:HA	1:A:230:LEU:HD22	1.93	0.51
1:A:1049:GLN:O	1:A:1055:ASN:ND2	2.40	0.51
1:A:2524:PHE:O	1:A:2527:HIS:HB3	2.10	0.51
1:A:3564:GLN:C	1:A:3566:GLY:H	2.18	0.51
1:A:3924:HIS:HD2	1:A:4124:TRP:HA	1.76	0.51
1:A:253:LEU:HA	1:A:265:TYR:HE1	1.75	0.51
1:A:453:MET:SD	1:A:453:MET:C	2.94	0.51
1:A:733:LEU:O	1:A:737:PRO:HD3	2.10	0.51
1:A:763:THR:HB	1:A:768:VAL:N	2.24	0.51
1:A:3125:ARG:HG3	1:A:3129:LEU:HD12	1.93	0.51
1:A:3962:ARG:CZ	1:A:3962:ARG:HB2	2.40	0.51
1:A:564:LEU:C	1:A:566:ASP:H	2.18	0.51
1:A:882:SER:HB3	1:A:3892:THR:HG1	0.69	0.51
1:A:1000:LYS:C	1:A:1002:GLU:H	2.17	0.51
1:A:2034:SER:HA	1:A:2038:GLU:HB2	1.92	0.51
1:A:2552:VAL:HG22	1:A:2553:HIS:H	1.76	0.51
1:A:2851:PHE:N	1:A:2852:PRO:HD3	2.26	0.51
1:A:3631:LYS:HG3	1:A:3684:SER:HB2	1.92	0.51
1:A:531:PHE:CB	1:A:534:LEU:CD1	2.89	0.51
1:A:1588:ASP:OD1	1:A:1588:ASP:N	2.42	0.51
1:A:2068:ARG:O	1:A:2069:ARG:CD	2.54	0.51
1:A:2136:PRO:O	1:A:2139:PRO:HD2	2.10	0.51
1:A:2797:VAL:C	1:A:2799:GLN:H	2.17	0.51
1:A:3917:ILE:CD1	1:A:3991:PHE:CG	2.94	0.51
1:A:4038:TRP:O	1:A:4040:PRO:HD3	2.11	0.51
1:A:275:PHE:O	1:A:278:HIS:N	2.44	0.51
1:A:566:ASP:C	1:A:568:PHE:N	2.68	0.51
1:A:763:THR:N	1:A:764:PRO:HD2	2.25	0.51
1:A:994:TRP:HZ3	1:A:2780:LEU:HB2	1.76	0.51
1:A:1448:LEU:O	1:A:1452:VAL:HG23	2.10	0.51
1:A:2361:ILE:HD12	1:A:2364:LEU:HB2	1.91	0.51
1:A:3351:ILE:HA	1:A:3355:LYS:HG3	1.93	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:439:VAL:HG11	1:A:479:ILE:HD13	1.93	0.51
1:A:591:GLN:OE1	1:A:1034:ARG:NH1	2.37	0.51
1:A:663:ILE:O	1:A:663:ILE:HG22	2.10	0.51
1:A:1383:GLY:HA3	1:A:1386:ILE:HG12	1.93	0.51
1:A:2870:SER:C	1:A:2872:ASP:N	2.68	0.51
1:A:237:SER:O	1:A:238:MET:HB2	2.10	0.51
1:A:2890:ILE:HG22	1:A:2918:PRO:HG3	1.93	0.51
1:A:3270:ASP:HA	1:A:3273:LEU:HD13	1.92	0.51
1:A:3672:LYS:HA	1:A:3675:LYS:HE3	1.92	0.51
1:A:3840:LYS:HA	1:A:3843:LEU:HG	1.93	0.51
1:A:641:PHE:C	1:A:644:PRO:HD2	2.35	0.50
1:A:977:ASP:O	1:A:979:VAL:N	2.40	0.50
1:A:2345:VAL:HA	1:A:2348:GLN:HE21	1.75	0.50
1:A:2561:PHE:C	1:A:2565:MET:CE	2.64	0.50
1:A:3916:TRP:CH2	1:A:4051:LEU:HG	2.46	0.50
1:A:1683:LYS:H	1:A:1683:LYS:HD2	1.77	0.50
1:A:2913:LYS:O	1:A:2915:ARG:N	2.44	0.50
1:A:995:PHE:O	1:A:999:LYS:O	2.29	0.50
1:A:1106:ILE:O	1:A:1110:SER:CB	2.60	0.50
1:A:1350:ASN:O	1:A:1353:PRO:HD2	2.11	0.50
1:A:2400:VAL:C	1:A:2403:CYS:HG	2.08	0.50
1:A:2400:VAL:HA	1:A:2403:CYS:SG	2.51	0.50
1:A:3296:GLN:O	1:A:3300:VAL:HG22	2.12	0.50
1:A:21:ALA:HA	1:A:24:ARG:HD3	1.92	0.50
1:A:58:VAL:O	1:A:62:ASP:N	2.40	0.50
1:A:411:PRO:HA	1:A:414:LEU:HB3	1.92	0.50
1:A:928:VAL:HG23	1:A:929:ALA:N	2.26	0.50
1:A:1278:ALA:HA	1:A:1281:VAL:HG22	1.92	0.50
1:A:2186:VAL:HA	1:A:2189:ILE:HG12	1.92	0.50
1:A:3231:ILE:CG2	1:A:3235:LYS:HE3	2.41	0.50
1:A:3283:LEU:O	1:A:3287:ARG:HG3	2.11	0.50
1:A:3348:LEU:O	1:A:3352:GLU:CD	2.55	0.50
1:A:3487:ILE:HD11	1:A:3495:PHE:CE1	2.47	0.50
1:A:270:ALA:HA	1:A:273:ARG:HG2	1.94	0.50
1:A:534:LEU:O	1:A:537:SER:OG	2.16	0.50
1:A:651:TYR:C	1:A:652:GLU:CG	2.71	0.50
1:A:660:LEU:HD12	1:A:661:PRO:CG	2.42	0.50
1:A:1115:HIS:C	1:A:1117:ASP:N	2.68	0.50
1:A:1392:MET:HA	1:A:1395:LEU:HB2	1.93	0.50
1:A:1499:CYS:O	1:A:1503:LEU:HD12	2.12	0.50
1:A:1871:MET:C	1:A:1874:TYR:HB2	2.37	0.50

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1917:LYS:HG2	1:A:1952:ILE:HD11	1.92	0.50
1:A:2185:MET:O	1:A:2189:ILE:HG23	2.11	0.50
1:A:3532:PRO:HA	1:A:3535:ILE:CG1	2.41	0.50
1:A:4015:ASN:HA	1:A:4018:GLN:OE1	2.11	0.50
1:A:340:TYR:O	1:A:344:GLN:HG3	2.11	0.50
1:A:560:LEU:HD12	1:A:561:ASN:ND2	2.19	0.50
1:A:993:HIS:CD2	1:A:1038:LYS:HD2	2.46	0.50
1:A:1070:PRO:CG	1:A:3741:ARG:HB3	2.32	0.50
1:A:1452:VAL:CG1	1:A:1502:SER:CB	2.89	0.50
1:A:2154:GLU:O	1:A:2155:GLU:C	2.52	0.50
1:A:2553:HIS:HA	1:A:2555:LEU:HD22	1.92	0.50
1:A:3295:GLU:OE1	1:A:3295:GLU:HA	2.10	0.50
1:A:3878:VAL:HB	1:A:3879:PRO:HD3	1.93	0.50
1:A:4059:ILE:CB	1:A:4081:ALA:HB1	2.42	0.50
1:A:752:LEU:HD11	1:A:776:TRP:CD1	2.46	0.50
1:A:790:LYS:HG3	1:A:791:ASP:H	1.75	0.50
1:A:1157:PHE:CE2	1:A:1165:LEU:HD22	2.47	0.50
1:A:1688:LEU:HA	1:A:1691:GLN:OE1	2.11	0.50
1:A:2022:PRO:O	1:A:2023:SER:HB2	2.11	0.50
1:A:3287:ARG:NH2	1:A:3328:ILE:HG12	2.26	0.50
1:A:3772:ASN:HA	1:A:3775:LEU:HG	1.93	0.50
1:A:257:ARG:HD3	1:A:257:ARG:H	1.77	0.50
1:A:357:LYS:O	1:A:359:LEU:N	2.45	0.50
1:A:437:HIS:HE1	1:A:1810:PRO:HG2	1.76	0.50
1:A:957:PRO:O	1:A:960:GLN:HB3	2.12	0.50
1:A:2194:LEU:HD11	1:A:2244:CYS:HB2	1.93	0.50
1:A:3476:PRO:HA	1:A:3516:HIS:NE2	2.27	0.50
1:A:139:ARG:C	1:A:141:SER:H	2.20	0.50
1:A:528:VAL:HG11	1:A:619:ASP:HA	1.93	0.50
1:A:1072:ALA:HB2	1:A:1114:ALA:HB1	1.93	0.50
1:A:2037:SER:O	1:A:2041:SER:N	2.44	0.50
1:A:2126:MET:HE1	1:A:2159:PRO:HB2	1.93	0.50
1:A:3243:ILE:HD13	1:A:3262:LEU:HB2	1.94	0.50
1:A:3263:HIS:O	1:A:3272:TRP:NE1	2.45	0.50
1:A:3992:ARG:HH12	1:A:4100:GLU:CB	2.25	0.50
1:A:722:LYS:CB	1:A:727:ALA:HB2	2.42	0.49
1:A:967:PRO:HB3	1:A:1031:ARG:HH12	1.77	0.49
1:A:1285:GLU:C	1:A:1287:GLN:H	2.20	0.49
1:A:1500:LEU:H	1:A:1501:PRO:CD	2.25	0.49
1:A:1939:LEU:HD11	1:A:1986:ARG:NH1	2.27	0.49
1:A:2892:LEU:HB3	1:A:2897:LEU:HB2	1.94	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3682:GLU:C	1:A:3685:PRO:HD2	2.37	0.49
1:A:439:VAL:O	1:A:443:ILE:HG12	2.11	0.49
1:A:2027:SER:C	1:A:2028:LEU:CD1	2.86	0.49
1:A:2566:THR:CG2	1:A:2567:SER:N	2.74	0.49
1:A:3190:LEU:CD2	1:A:3235:LYS:HE2	2.32	0.49
1:A:3730:ALA:HB1	1:A:3734:ARG:NH1	2.27	0.49
1:A:2383:PHE:CZ	1:A:2415:LEU:HD11	2.47	0.49
1:A:3518:VAL:HA	1:A:3521:ILE:HG22	1.92	0.49
1:A:272:LEU:HD23	1:A:275:PHE:CD2	2.46	0.49
1:A:1572:LEU:HG	1:A:1575:LEU:HD12	1.94	0.49
1:A:3167:ARG:HB3	1:A:3186:ARG:HH12	1.78	0.49
1:A:362:ALA:HA	1:A:413:PHE:CE1	2.46	0.49
1:A:488:ILE:CG2	1:A:616:LYS:HG2	2.42	0.49
1:A:624:ILE:HG23	1:A:625:ASN:N	2.27	0.49
1:A:1874:TYR:CE1	1:A:1885:PRO:HG3	2.47	0.49
1:A:1963:GLN:O	1:A:1967:PHE:N	2.43	0.49
1:A:1995:GLU:O	1:A:1999:GLU:N	2.44	0.49
1:A:2312:TYR:CD2	1:A:2312:TYR:N	2.81	0.49
1:A:2312:TYR:HE1	1:A:2315:VAL:C	2.20	0.49
1:A:2430:GLU:HA	1:A:2433:LYS:HB2	1.93	0.49
1:A:3085:GLU:OE1	1:A:3085:GLU:N	2.39	0.49
1:A:3177:ASN:OD1	1:A:3177:ASN:N	2.45	0.49
1:A:3762:GLN:CD	1:A:3795:PRO:HG3	2.37	0.49
1:A:653:LEU:CD1	1:A:653:LEU:C	2.85	0.49
1:A:987:LEU:O	1:A:991:LEU:HD13	2.13	0.49
1:A:1266:CYS:HA	1:A:1344:PHE:CE1	2.48	0.49
1:A:1866:GLN:O	1:A:1870:LYS:N	2.40	0.49
1:A:3515:GLN:O	1:A:3516:HIS:C	2.55	0.49
1:A:429:GLU:O	1:A:431:TYR:HD1	1.96	0.49
1:A:613:HIS:NE2	1:A:656:GLN:CG	2.75	0.49
1:A:2018:ASP:O	1:A:2022:PRO:HG2	2.12	0.49
1:A:3048:LYS:HA	1:A:3051:LEU:HD23	1.94	0.49
1:A:750:PRO:C	1:A:752:LEU:H	2.20	0.49
1:A:993:HIS:CE1	1:A:997:ASN:ND2	2.79	0.49
1:A:1882:SER:O	1:A:1886:LYS:HG2	2.12	0.49
1:A:2045:PHE:O	1:A:2049:VAL:HG23	2.13	0.49
1:A:2126:MET:HE2	1:A:2151:ILE:HG21	1.95	0.49
1:A:2156:VAL:CG1	1:A:2159:PRO:HD3	2.40	0.49
1:A:3890:MET:HE1	1:A:3901:ARG:H	1.78	0.49
1:A:4006:VAL:C	1:A:4008:GLU:H	2.20	0.49
1:A:4078:VAL:HG23	1:A:4079:ALA:N	2.28	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:4091:ALA:HB2	1:A:4110:GLN:NE2	2.28	0.49
1:A:4099:SER:HB2	1:A:4102:THR:HB	1.93	0.49
1:A:326:MET:HA	1:A:329:LYS:HB3	1.93	0.49
1:A:560:LEU:HA	1:A:563:LEU:HB2	1.94	0.49
1:A:934:LEU:O	1:A:937:MET:HB3	2.12	0.49
1:A:1682:THR:HA	1:A:1685:ASP:OD2	2.13	0.49
1:A:3829:LEU:C	1:A:3829:LEU:CD1	2.86	0.49
1:A:149:ILE:O	1:A:152:LEU:HG	2.13	0.49
1:A:613:HIS:HE1	1:A:656:GLN:HG3	1.74	0.49
1:A:1274:ARG:O	1:A:1278:ALA:HB3	2.13	0.49
1:A:2405:VAL:HG12	1:A:2438:ILE:HG23	1.95	0.49
1:A:3076:ALA:O	1:A:3080:LEU:HG	2.12	0.49
1:A:3819:THR:HG23	1:A:3882:LEU:HD22	1.94	0.49
1:A:660:LEU:CD1	1:A:661:PRO:CD	2.91	0.48
1:A:715:ALA:CB	1:A:734:LEU:CD1	2.87	0.48
1:A:730:LEU:O	1:A:734:LEU:HD12	2.12	0.48
1:A:1161:ALA:C	1:A:1163:LEU:H	2.21	0.48
1:A:1873:TYR:O	1:A:1876:ILE:HG22	2.13	0.48
1:A:1918:LEU:HD12	1:A:1958:GLU:HB3	1.95	0.48
1:A:2100:LEU:CD2	1:A:2100:LEU:C	2.85	0.48
1:A:3386:SER:HA	1:A:3389:VAL:HG12	1.94	0.48
1:A:3558:ILE:HD13	1:A:3561:LYS:HD2	1.95	0.48
1:A:745:VAL:HG13	1:A:749:VAL:CG1	2.43	0.48
1:A:789:TYR:HD1	1:A:789:TYR:H	1.59	0.48
1:A:871:LEU:HD23	1:A:3121:LEU:HD21	1.93	0.48
1:A:995:PHE:CD2	1:A:1003:SER:CA	2.83	0.48
1:A:2564:GLU:OE1	1:A:2564:GLU:HA	2.13	0.48
1:A:2877:SER:O	1:A:2880:CYS:HB2	2.13	0.48
1:A:3082:TYR:HB3	1:A:3085:GLU:OE2	2.14	0.48
1:A:3515:GLN:O	1:A:3517:SER:N	2.46	0.48
1:A:3813:LYS:HB2	1:A:3925:LEU:HG	1.95	0.48
1:A:220:LEU:O	1:A:224:LEU:HB2	2.12	0.48
1:A:385:TYR:CE1	1:A:421:LEU:HD11	2.28	0.48
1:A:461:ILE:CG2	1:A:465:PHE:CE2	2.96	0.48
1:A:663:ILE:HD12	1:A:663:ILE:H	1.75	0.48
1:A:2166:SER:O	1:A:2168:LEU:N	2.41	0.48
1:A:3568:ILE:HG22	1:A:3568:ILE:O	2.12	0.48
1:A:3917:ILE:HD11	1:A:3991:PHE:CD2	2.47	0.48
1:A:663:ILE:N	1:A:663:ILE:CD1	2.73	0.48
1:A:862:LEU:CB	1:A:865:GLN:HB2	2.42	0.48
1:A:870:LEU:HA	1:A:873:VAL:CB	2.40	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3795:PRO:C	1:A:3796:MET:HG3	2.38	0.48
1:A:3817:LEU:HD23	1:A:3828:TYR:CE2	2.47	0.48
1:A:763:THR:HB	1:A:768:VAL:H	1.78	0.48
1:A:1073:PHE:C	1:A:1075:ARG:N	2.72	0.48
1:A:1149:LYS:O	1:A:1151:ARG:N	2.46	0.48
1:A:2095:ALA:O	1:A:2099:ALA:N	2.41	0.48
1:A:2949:THR:O	1:A:2953:THR:OG1	2.25	0.48
1:A:3377:LEU:O	1:A:3381:ALA:N	2.40	0.48
1:A:3493:TRP:C	1:A:3495:PHE:H	2.21	0.48
1:A:714:VAL:CG1	1:A:715:ALA:H	2.04	0.48
1:A:938:VAL:HA	1:A:941:MET:HG3	1.94	0.48
1:A:1103:ALA:O	1:A:1107:TYR:HB2	2.14	0.48
1:A:2225:HIS:HB3	1:A:2228:ARG:HD3	1.95	0.48
1:A:2314:GLU:O	1:A:2315:VAL:HB	2.13	0.48
1:A:3770:VAL:HG21	1:A:4001:THR:HG21	1.94	0.48
1:A:3825:LYS:C	1:A:3828:TYR:H	2.22	0.48
1:A:3828:TYR:HA	1:A:3831:ASP:CB	2.43	0.48
1:A:3890:MET:HE1	1:A:3901:ARG:N	2.29	0.48
1:A:293:LEU:O	1:A:296:VAL:HG12	2.14	0.48
1:A:326:MET:SD	1:A:329:LYS:HD3	2.53	0.48
1:A:435:LEU:HA	1:A:438:LEU:HB3	1.95	0.48
1:A:654:ILE:HG21	1:A:729:CYS:SG	2.54	0.48
1:A:970:LEU:HD21	1:A:1031:ARG:HH12	1.78	0.48
1:A:1087:ARG:O	1:A:1091:GLU:HG3	2.13	0.48
1:A:1158:PRO:HB2	1:A:1159:PRO:HD3	1.94	0.48
1:A:1373:VAL:C	1:A:1375:THR:N	2.71	0.48
1:A:2095:ALA:HA	1:A:2098:THR:OG1	2.13	0.48
1:A:2166:SER:C	1:A:2168:LEU:H	2.21	0.48
1:A:3118:ASP:C	1:A:3120:LEU:N	2.69	0.48
1:A:3376:GLY:N	1:A:3380:ARG:HH21	2.11	0.48
1:A:3883:LEU:HD22	1:A:3970:LEU:HB2	1.96	0.48
1:A:28:ALA:C	1:A:30:ALA:H	2.20	0.48
1:A:776:TRP:CE2	1:A:780:ILE:HD12	2.49	0.48
1:A:959:TYR:O	1:A:963:LYS:N	2.31	0.48
1:A:1900:PHE:O	1:A:1904:CYS:N	2.38	0.48
1:A:2809:PHE:O	1:A:2813:PHE:HD2	1.96	0.48
1:A:3287:ARG:HG2	1:A:3293:CYS:CB	2.43	0.48
1:A:3493:TRP:HA	1:A:3495:PHE:CE2	2.48	0.48
1:A:3692:VAL:O	1:A:3692:VAL:HG23	2.14	0.48
1:A:3988:LEU:HD11	1:A:3992:ARG:NE	2.29	0.48
1:A:4075:ARG:HA	1:A:4078:VAL:HG22	1.96	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:530:LEU:O	1:A:533:HIS:CB	2.62	0.48
1:A:970:LEU:O	1:A:981:ARG:HB3	2.14	0.48
1:A:1489:LYS:O	1:A:1490:GLY:C	2.57	0.48
1:A:2098:THR:HA	1:A:2146:LEU:CD1	2.43	0.48
1:A:2146:LEU:HD23	1:A:2146:LEU:H	1.78	0.48
1:A:3047:SER:O	1:A:3050:LYS:HG3	2.14	0.48
1:A:3185:ASN:HB3	1:A:3189:PHE:CZ	2.48	0.48
1:A:3297:VAL:HG11	1:A:3332:THR:CG2	2.44	0.48
1:A:3702:PRO:CB	1:A:3718:ARG:HA	2.44	0.48
1:A:1038:LYS:O	1:A:1042:LYS:HB2	2.13	0.47
1:A:1128:CYS:O	1:A:1131:ILE:HB	2.14	0.47
1:A:3992:ARG:HG2	1:A:4053:GLY:HA3	1.96	0.47
1:A:101:ALA:O	1:A:104:SER:OG	2.24	0.47
1:A:2535:THR:O	1:A:2538:ARG:N	2.47	0.47
1:A:2545:LEU:O	1:A:2548:PRO:HD2	2.13	0.47
1:A:708:VAL:HG22	1:A:712:LYS:HE2	0.53	0.47
1:A:867:ASN:O	1:A:869:ASN:N	2.46	0.47
1:A:1024:THR:HA	1:A:1027:ASP:HB2	1.95	0.47
1:A:1415:LEU:O	1:A:1419:LEU:HG	2.14	0.47
1:A:2552:VAL:O	1:A:2553:HIS:CB	2.59	0.47
1:A:3771:MET:CE	1:A:3914:SER:HB3	2.44	0.47
1:A:473:PRO:O	1:A:475:LEU:N	2.48	0.47
1:A:767:GLU:O	1:A:771:ASN:HB2	2.15	0.47
1:A:1015:ASP:O	1:A:1017:ILE:N	2.47	0.47
1:A:1068:LEU:C	1:A:1068:LEU:HD12	2.39	0.47
1:A:1176:CYS:C	1:A:1178:ARG:H	2.23	0.47
1:A:1246:GLY:CA	1:A:1250:LEU:HD12	2.44	0.47
1:A:2492:ASP:O	1:A:2496:GLN:HG2	2.14	0.47
1:A:2806:LYS:HA	1:A:2809:PHE:HE2	1.74	0.47
1:A:2875:ALA:O	1:A:2879:GLY:HA3	2.14	0.47
1:A:3291:GLN:O	1:A:3294:SER:OG	2.27	0.47
1:A:400:THR:HG21	1:A:1869:LYS:NZ	2.29	0.47
1:A:476:ARG:O	1:A:479:ILE:HB	2.15	0.47
1:A:971:ARG:NH2	1:A:1023:SER:HB2	2.29	0.47
1:A:2306:ASN:O	1:A:2306:ASN:ND2	2.45	0.47
1:A:2542:LEU:HD12	1:A:2543:ASN:H	1.79	0.47
1:A:3060:SER:O	1:A:3064:PHE:N	2.47	0.47
1:A:3496:ILE:HG22	1:A:3497:SER:N	2.28	0.47
1:A:3836:PRO:O	1:A:3840:LYS:HB2	2.14	0.47
1:A:1504:ASP:HA	1:A:1507:CYS:SG	2.55	0.47
1:A:2357:GLU:HA	1:A:2360:PHE:HB2	1.97	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2395:THR:O	1:A:2399:GLU:HG3	2.14	0.47
1:A:2425:ARG:HE	1:A:2457:PRO:HG3	1.80	0.47
1:A:3496:ILE:O	1:A:3499:ILE:N	2.48	0.47
1:A:3984:MET:CB	1:A:4104:VAL:HG11	2.44	0.47
1:A:4070:LYS:CB	1:A:4074:PHE:N	2.78	0.47
1:A:4109:ASP:O	1:A:4111:ALA:N	2.37	0.47
1:A:173:LYS:O	1:A:177:LEU:HD22	2.14	0.47
1:A:356:ASN:CB	1:A:1858:LEU:HB2	2.44	0.47
1:A:461:ILE:HG23	1:A:465:PHE:HE2	1.79	0.47
1:A:491:CYS:O	1:A:494:PRO:HB3	2.14	0.47
1:A:633:ILE:CG2	1:A:637:LYS:CB	2.93	0.47
1:A:732:PHE:HD2	1:A:733:LEU:N	2.12	0.47
1:A:763:THR:HG21	1:A:770:LEU:N	2.29	0.47
1:A:789:TYR:N	1:A:789:TYR:CD1	2.82	0.47
1:A:994:TRP:H	1:A:994:TRP:HD1	1.60	0.47
1:A:1874:TYR:HD2	1:A:1875:LYS:N	2.13	0.47
1:A:2327:LEU:HA	1:A:2330:VAL:HG12	1.95	0.47
1:A:3068:ALA:HA	1:A:3076:ALA:HB2	1.95	0.47
1:A:3234:CYS:O	1:A:3238:MET:N	2.48	0.47
1:A:3296:GLN:O	1:A:3300:VAL:HG13	2.14	0.47
1:A:3427:GLU:OE2	1:A:3435:ASP:HB3	2.14	0.47
1:A:3917:ILE:HG21	1:A:3998:LEU:HD11	1.96	0.47
1:A:3931:ALA:HB3	1:A:3935:GLY:O	2.15	0.47
1:A:1068:LEU:C	1:A:1068:LEU:CD1	2.88	0.47
1:A:1248:PHE:O	1:A:1250:LEU:N	2.38	0.47
1:A:2059:PRO:HB2	1:A:2062:ALA:HB3	1.97	0.47
1:A:2226:PRO:HB3	1:A:2234:ASN:OD1	2.14	0.47
1:A:2283:ASN:N	1:A:2283:ASN:OD1	2.47	0.47
1:A:2949:THR:OG1	1:A:2950:LYS:N	2.45	0.47
1:A:3835:PRO:O	1:A:3839:TYR:HB3	2.15	0.47
1:A:342:MET:HE2	1:A:371:GLY:HA3	1.97	0.47
1:A:410:MET:O	1:A:442:GLN:NE2	2.39	0.47
1:A:1121:LEU:C	1:A:1123:THR:N	2.72	0.47
1:A:1557:GLU:C	1:A:1559:PHE:H	2.22	0.47
1:A:1984:LEU:CD1	1:A:1984:LEU:C	2.85	0.47
1:A:2100:LEU:HD23	1:A:2104:MET:HB2	1.97	0.47
1:A:2287:PRO:O	1:A:2289:ASP:N	2.40	0.47
1:A:2788:SER:O	1:A:2792:THR:OG1	2.30	0.47
1:A:4071:ALA:HB3	1:A:4072:PRO:HD3	1.97	0.47
1:A:457:CYS:O	1:A:461:ILE:HG13	2.14	0.47
1:A:1707:LEU:O	1:A:1708:GLU:HG2	2.15	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2028:LEU:N	1:A:2028:LEU:CD1	2.77	0.47
1:A:3303:THR:HA	1:A:3306:LEU:CB	2.45	0.47
1:A:3451:LEU:HD23	1:A:3482:LEU:HG	1.97	0.47
1:A:3593:ARG:HD3	1:A:3660:ASN:O	2.14	0.47
1:A:3964:THR:HG23	1:A:4127:TRP:C	2.39	0.47
1:A:324:SER:HB3	1:A:370:ALA:HB1	1.96	0.46
1:A:1122:GLY:O	1:A:1123:THR:OG1	2.27	0.46
1:A:2361:ILE:HG21	1:A:2385:LEU:HD22	1.97	0.46
1:A:2915:ARG:C	1:A:2918:PRO:HD2	2.39	0.46
1:A:2934:GLY:O	1:A:2938:VAL:HG23	2.14	0.46
1:A:660:LEU:CD1	1:A:661:PRO:HG3	2.45	0.46
1:A:867:ASN:OD1	1:A:868:LYS:N	2.49	0.46
1:A:2144:LEU:HA	1:A:2147:ALA:CB	2.42	0.46
1:A:2865:HIS:CG	1:A:2866:ALA:N	2.84	0.46
1:A:3665:MET:HE2	1:A:3665:MET:HB3	1.87	0.46
1:A:1044:ILE:C	1:A:1045:THR:HG1	2.22	0.46
1:A:1120:SER:C	1:A:1122:GLY:H	2.19	0.46
1:A:2216:LEU:HD23	1:A:2219:LEU:HD12	1.97	0.46
1:A:2559:THR:OG1	1:A:2560:ASN:N	2.49	0.46
1:A:2911:ARG:C	1:A:2913:LYS:H	2.24	0.46
1:A:3908:HIS:O	1:A:3911:ILE:HG12	2.15	0.46
1:A:631:ARG:O	1:A:635:PRO:HD3	2.15	0.46
1:A:660:LEU:N	1:A:661:PRO:CD	2.79	0.46
1:A:1909:ASN:O	1:A:1912:THR:HG23	2.14	0.46
1:A:1945:TYR:O	1:A:1949:ILE:HG22	2.16	0.46
1:A:2138:VAL:HB	1:A:2139:PRO:HD3	1.98	0.46
1:A:2503:LYS:O	1:A:2507:ILE:HG12	2.15	0.46
1:A:2808:LEU:O	1:A:2812:LEU:N	2.49	0.46
1:A:2916:LEU:O	1:A:2919:ASP:HB3	2.15	0.46
1:A:3177:ASN:HB3	1:A:3178:ILE:HD12	1.97	0.46
1:A:3236:PHE:HZ	1:A:3268:THR:OG1	1.92	0.46
1:A:3540:TYR:CG	1:A:3541:SER:N	2.82	0.46
1:A:3977:THR:HG21	1:A:3981:TYR:H	1.78	0.46
1:A:89:LEU:O	1:A:93:LEU:HG	2.16	0.46
1:A:360:SER:HA	1:A:363:ILE:HG13	1.98	0.46
1:A:479:ILE:O	1:A:482:VAL:HG22	2.16	0.46
1:A:488:ILE:CG2	1:A:616:LYS:CG	2.93	0.46
1:A:598:PRO:HD2	1:A:1022:ASP:O	2.16	0.46
1:A:623:PHE:O	1:A:624:ILE:HG22	2.15	0.46
1:A:649:PHE:C	1:A:650:SER:HG	2.06	0.46
1:A:785:MET:HE1	1:A:787:PRO:C	2.41	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:973:ALA:HB1	1:A:977:ASP:HB2	1.97	0.46
1:A:1004:GLN:HG2	1:A:1005:ASP:N	2.31	0.46
1:A:1802:TYR:O	1:A:1805:PHE:N	2.40	0.46
1:A:2287:PRO:C	1:A:2289:ASP:N	2.72	0.46
1:A:2557:LEU:H	1:A:2557:LEU:HD12	1.80	0.46
1:A:3806:LEU:HD12	1:A:3807:GLU:H	1.80	0.46
1:A:4044:ILE:O	1:A:4048:LYS:N	2.49	0.46
1:A:192:ASN:O	1:A:196:LEU:HD23	2.16	0.46
1:A:633:ILE:HG22	1:A:637:LYS:CB	2.46	0.46
1:A:1036:PHE:CE1	1:A:1039:TRP:HD1	2.33	0.46
1:A:2511:ILE:HG22	1:A:2519:LEU:CD1	2.46	0.46
1:A:3257:LYS:HG3	1:A:3258:LEU:HD23	1.98	0.46
1:A:3824:GLU:HA	1:A:3827:ALA:HB3	1.97	0.46
1:A:4009:PRO:HG2	1:A:4012:ASP:HB2	1.98	0.46
1:A:352:VAL:HA	1:A:355:ASN:O	2.15	0.46
1:A:461:ILE:HG22	1:A:465:PHE:CD2	2.51	0.46
1:A:804:ALA:HB1	1:A:852:ARG:CZ	2.46	0.46
1:A:1879:VAL:HG13	1:A:1880:MET:N	2.31	0.46
1:A:2285:LEU:O	1:A:2286:PRO:C	2.58	0.46
1:A:2368:THR:HG21	1:A:2403:CYS:HA	1.96	0.46
1:A:2378:PHE:O	1:A:2382:VAL:HG13	2.15	0.46
1:A:2958:LEU:C	1:A:2960:GLU:N	2.70	0.46
1:A:3020:ASP:OD1	1:A:3021:SER:N	2.49	0.46
1:A:3241:LYS:HB3	1:A:3242:MET:SD	2.56	0.46
1:A:3503:VAL:HG11	1:A:3535:ILE:HD12	1.98	0.46
1:A:3515:GLN:C	1:A:3517:SER:N	2.72	0.46
1:A:3787:GLN:HG3	1:A:3788:LEU:N	2.30	0.46
1:A:3980:MET:C	1:A:3982:SER:H	2.23	0.46
1:A:1499:CYS:SG	1:A:1503:LEU:HG	2.55	0.46
1:A:1500:LEU:HA	1:A:1503:LEU:HD12	1.98	0.46
1:A:1938:ARG:HB2	1:A:1986:ARG:NH2	2.31	0.46
1:A:1983:ASP:OD1	1:A:1983:ASP:N	2.47	0.46
1:A:2220:MET:H	1:A:2220:MET:HG3	1.57	0.46
1:A:2281:MET:HA	1:A:2287:PRO:CG	2.46	0.46
1:A:3152:SER:HA	1:A:3156:PRO:HD2	1.98	0.46
1:A:323:VAL:O	1:A:327:VAL:HG23	2.16	0.46
1:A:537:SER:HG	1:A:538:ASP:N	2.14	0.46
1:A:1248:PHE:C	1:A:1250:LEU:N	2.73	0.46
1:A:2156:VAL:HG12	1:A:2159:PRO:HD2	1.95	0.46
1:A:3138:ILE:O	1:A:3142:ILE:HG13	2.15	0.46
1:A:3167:ARG:CG	1:A:3186:ARG:HH12	2.29	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3303:THR:HG22	1:A:3306:LEU:CD2	2.46	0.46
1:A:3530:VAL:O	1:A:3533:PHE:HB2	2.16	0.46
1:A:4072:PRO:HD2	1:A:4073:ALA:H	1.81	0.46
1:A:637:LYS:HA	1:A:641:PHE:HB2	1.98	0.46
1:A:653:LEU:HD12	1:A:656:GLN:H	1.76	0.46
1:A:1952:ILE:HG12	1:A:1953:CYS:H	1.80	0.46
1:A:2260:PHE:C	1:A:2262:GLY:H	2.24	0.46
1:A:2403:CYS:SG	1:A:2404:ARG:N	2.88	0.46
1:A:2869:LEU:H	1:A:2892:LEU:HD11	1.79	0.46
1:A:3575:LEU:CB	1:A:3687:MET:CB	2.94	0.46
1:A:3682:GLU:O	1:A:3685:PRO:HD2	2.16	0.46
1:A:3980:MET:C	1:A:3982:SER:N	2.74	0.46
1:A:473:PRO:C	1:A:475:LEU:H	2.23	0.45
1:A:253:LEU:HA	1:A:265:TYR:CE1	2.52	0.45
1:A:345:PHE:O	1:A:349:ILE:HG13	2.16	0.45
1:A:657:SER:O	1:A:660:LEU:CG	2.47	0.45
1:A:767:GLU:OE2	1:A:846:ILE:N	2.50	0.45
1:A:804:ALA:HB1	1:A:852:ARG:NH1	2.30	0.45
1:A:911:LEU:O	1:A:915:THR:HG23	2.16	0.45
1:A:930:ALA:O	1:A:933:LEU:HB3	2.16	0.45
1:A:1096:VAL:C	1:A:1098:GLN:H	2.24	0.45
1:A:2156:VAL:HB	1:A:2159:PRO:CG	2.46	0.45
1:A:2396:LEU:HA	1:A:2399:GLU:OE1	2.16	0.45
1:A:150:GLY:HA2	1:A:153:PHE:CZ	2.51	0.45
1:A:238:MET:HB2	1:A:240:GLU:HG3	1.98	0.45
1:A:398:THR:O	1:A:400:THR:N	2.50	0.45
1:A:925:GLN:HA	1:A:928:VAL:HG22	1.99	0.45
1:A:1142:HIS:CG	1:A:1143:VAL:N	2.85	0.45
1:A:1582:LEU:O	1:A:1586:SER:N	2.37	0.45
1:A:2542:LEU:HB2	1:A:2546:TYR:CE2	2.51	0.45
1:A:3176:MET:HE3	1:A:3176:MET:HB3	1.68	0.45
1:A:3506:LEU:HD22	1:A:3517:SER:O	2.15	0.45
1:A:3967:PHE:HD1	1:A:3971:MET:HE3	1.80	0.45
1:A:101:ALA:HB3	1:A:102:PRO:HD3	1.98	0.45
1:A:848:LEU:O	1:A:851:ILE:HB	2.17	0.45
1:A:1002:GLU:HA	1:A:1004:GLN:NE2	2.30	0.45
1:A:1982:ILE:HG22	1:A:1986:ARG:NE	2.32	0.45
1:A:2144:LEU:HD23	1:A:2147:ALA:HB3	1.97	0.45
1:A:2553:HIS:O	1:A:2554:PHE:CD2	2.70	0.45
1:A:3348:LEU:O	1:A:3352:GLU:CB	2.62	0.45
1:A:131:LEU:HD21	1:A:173:LYS:HZ1	1.82	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:391:ARG:O	1:A:394:GLN:HG3	2.16	0.45
1:A:1996:VAL:HA	1:A:1999:GLU:CB	2.47	0.45
1:A:2325:LEU:HD12	1:A:2325:LEU:HA	1.83	0.45
1:A:2334:LYS:O	1:A:2336:ILE:HG13	2.16	0.45
1:A:3887:PHE:O	1:A:3890:MET:HG2	2.16	0.45
1:A:3948:SER:O	1:A:3952:PHE:HB2	2.17	0.45
1:A:4074:PHE:O	1:A:4078:VAL:HG13	2.16	0.45
1:A:475:LEU:HD12	1:A:475:LEU:HA	1.77	0.45
1:A:491:CYS:O	1:A:494:PRO:HD3	2.17	0.45
1:A:789:TYR:O	1:A:793:LEU:N	2.49	0.45
1:A:959:TYR:HA	1:A:962:TYR:CB	2.47	0.45
1:A:1173:LEU:N	1:A:1173:LEU:HD23	2.32	0.45
1:A:2379:MET:O	1:A:2382:VAL:HG22	2.15	0.45
1:A:3287:ARG:HH12	1:A:3328:ILE:HA	1.81	0.45
1:A:3631:LYS:O	1:A:3631:LYS:HD3	2.17	0.45
1:A:262:LEU:HB3	1:A:306:VAL:HG21	1.99	0.45
1:A:708:VAL:O	1:A:712:LYS:CG	2.41	0.45
1:A:862:LEU:O	1:A:866:ILE:HD11	2.17	0.45
1:A:1014:LEU:HD21	1:A:1028:PHE:HE2	1.82	0.45
1:A:2226:PRO:HB3	1:A:2234:ASN:CG	2.41	0.45
1:A:2554:PHE:CD1	1:A:2554:PHE:O	2.70	0.45
1:A:3706:ASP:H	1:A:3715:TYR:HE2	1.63	0.45
1:A:3789:ARG:HB3	1:A:3938:ILE:CG2	2.47	0.45
1:A:4066:LEU:O	1:A:4066:LEU:CD1	2.49	0.45
1:A:294:PHE:HA	1:A:297:LEU:HD21	1.99	0.45
1:A:325:ASN:O	1:A:329:LYS:N	2.42	0.45
1:A:488:ILE:HG21	1:A:616:LYS:CD	2.44	0.45
1:A:2169:LEU:HD12	1:A:2170:GLN:O	2.16	0.45
1:A:2357:GLU:HA	1:A:2360:PHE:CG	2.52	0.45
1:A:2475:ASN:O	1:A:2478:MET:HB2	2.17	0.45
1:A:2549:LYS:HZ2	1:A:2554:PHE:CB	2.24	0.45
1:A:3048:LYS:HE2	1:A:3048:LYS:HB3	1.70	0.45
1:A:3297:VAL:HA	1:A:3300:VAL:CG2	2.47	0.45
1:A:3971:MET:HB2	1:A:3974:MET:CB	2.47	0.45
1:A:251:PHE:CD1	1:A:254:LYS:HD2	2.52	0.45
1:A:291:VAL:HA	1:A:294:PHE:HE1	1.80	0.45
1:A:534:LEU:CD1	1:A:534:LEU:N	2.73	0.45
1:A:534:LEU:C	1:A:537:SER:HG	2.16	0.45
1:A:714:VAL:HG22	1:A:734:LEU:CD2	2.43	0.45
1:A:1296:PHE:CE1	1:A:1368:LEU:HD23	2.52	0.45
1:A:1982:ILE:O	1:A:1986:ARG:CG	2.62	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2281:MET:HA	1:A:2287:PRO:HG3	1.99	0.45
1:A:2814:SER:C	1:A:2816:ILE:N	2.74	0.45
1:A:2853:PRO:C	1:A:2855:VAL:H	2.21	0.45
1:A:3830:SER:O	1:A:3834:ALA:N	2.48	0.45
1:A:558:GLU:C	1:A:558:GLU:CD	2.85	0.45
1:A:641:PHE:HA	1:A:644:PRO:HD3	1.99	0.45
1:A:714:VAL:HG22	1:A:715:ALA:N	2.32	0.45
1:A:734:LEU:C	1:A:737:PRO:HD2	2.42	0.45
1:A:1014:LEU:HB3	1:A:1078:ALA:HB1	1.98	0.45
1:A:1029:CYS:HB3	1:A:1085:ILE:HG13	1.98	0.45
1:A:1080:LEU:CB	1:A:1127:CYS:HB3	2.47	0.45
1:A:1376:LEU:HD23	1:A:1376:LEU:H	1.82	0.45
1:A:1889:VAL:HG11	1:A:1944:ALA:HB2	1.99	0.45
1:A:2024:TYR:O	1:A:2045:PHE:HE1	1.96	0.45
1:A:3064:PHE:HE1	1:A:3067:LYS:HE2	1.82	0.45
1:A:3183:ILE:HA	1:A:3183:ILE:HD13	1.65	0.45
1:A:3471:ILE:CG2	1:A:3472:ILE:HG13	2.47	0.45
1:A:3789:ARG:HB3	1:A:3938:ILE:HG22	1.98	0.45
1:A:3791:TYR:HB2	1:A:3792:SER:H	1.52	0.45
1:A:855:VAL:O	1:A:859:LEU:HG	2.17	0.44
1:A:1468:LEU:C	1:A:1470:SER:H	2.24	0.44
1:A:2259:LYS:O	1:A:2261:SER:N	2.48	0.44
1:A:2378:PHE:HB3	1:A:2381:ALA:HB3	1.99	0.44
1:A:2384:PHE:C	1:A:2387:PRO:HD2	2.43	0.44
1:A:2836:LEU:HB3	1:A:2840:PHE:HE2	1.82	0.44
1:A:2958:LEU:O	1:A:2960:GLU:N	2.50	0.44
1:A:3243:ILE:O	1:A:3246:ALA:HB3	2.17	0.44
1:A:3581:PRO:O	1:A:3585:PHE:CE2	2.70	0.44
1:A:3593:ARG:HA	1:A:3660:ASN:OD1	2.16	0.44
1:A:3900:LEU:HA	1:A:3900:LEU:HD12	1.71	0.44
1:A:3917:ILE:HD13	1:A:3991:PHE:CE1	2.44	0.44
1:A:116:THR:HG23	1:A:119:ARG:HH21	1.83	0.44
1:A:446:PHE:CE1	1:A:457:CYS:HB2	2.53	0.44
1:A:1391:VAL:HG12	1:A:1395:LEU:HD22	1.98	0.44
1:A:1651:LYS:HG3	1:A:1684:LEU:HD11	1.98	0.44
1:A:2511:ILE:HG22	1:A:2519:LEU:HD12	1.99	0.44
1:A:3413:TYR:CD1	1:A:3449:LYS:HA	2.52	0.44
1:A:3586:LYS:C	1:A:3588:TRP:H	2.26	0.44
1:A:3992:ARG:HE	1:A:4053:GLY:C	2.22	0.44
1:A:720:GLN:C	1:A:722:LYS:H	2.26	0.44
1:A:992:ILE:CD1	1:A:993:HIS:N	2.73	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1070:PRO:HD2	1:A:3741:ARG:HD3	2.00	0.44
1:A:2431:ARG:C	1:A:2433:LYS:H	2.25	0.44
1:A:3992:ARG:NH2	1:A:4100:GLU:HA	2.25	0.44
1:A:345:PHE:HA	1:A:348:ILE:HD12	2.00	0.44
1:A:1501:PRO:CA	1:A:1505:LEU:H	2.28	0.44
1:A:1571:LEU:HD22	1:A:1599:GLY:C	2.42	0.44
1:A:1939:LEU:CD1	1:A:1986:ARG:NH2	2.78	0.44
1:A:3417:ALA:O	1:A:3420:CYS:N	2.38	0.44
1:A:3486:GLU:HG3	1:A:3487:ILE:N	2.32	0.44
1:A:241:ASP:O	1:A:245:SER:OG	2.26	0.44
1:A:430:VAL:O	1:A:433:PRO:HD2	2.18	0.44
1:A:643:GLU:O	1:A:647:TYR:CD1	2.71	0.44
1:A:776:TRP:CH2	1:A:780:ILE:HD12	2.53	0.44
1:A:1238:GLN:H	1:A:1239:PRO:HD3	1.82	0.44
1:A:1915:LEU:HD12	1:A:1916:ILE:N	2.31	0.44
1:A:1965:PHE:O	1:A:1968:SER:OG	2.27	0.44
1:A:2486:ASP:C	1:A:2488:GLU:H	2.24	0.44
1:A:2549:LYS:NZ	1:A:2554:PHE:CB	2.63	0.44
1:A:2814:SER:C	1:A:2816:ILE:H	2.25	0.44
1:A:3303:THR:HA	1:A:3306:LEU:HB2	1.98	0.44
1:A:3459:ASN:O	1:A:3463:LEU:HD12	2.16	0.44
1:A:3761:ASP:O	1:A:3764:VAL:HB	2.18	0.44
1:A:3947:GLY:HA3	1:A:4065:LEU:HD21	1.98	0.44
1:A:368:LEU:HD23	1:A:368:LEU:O	2.17	0.44
1:A:714:VAL:CG1	1:A:734:LEU:CD2	2.94	0.44
1:A:796:LEU:HD23	1:A:796:LEU:HA	1.80	0.44
1:A:1215:GLU:O	1:A:1217:VAL:N	2.51	0.44
1:A:1238:GLN:H	1:A:1239:PRO:CD	2.30	0.44
1:A:2126:MET:HA	1:A:2129:LEU:HD12	1.99	0.44
1:A:2562:LEU:CD2	1:A:2565:MET:CE	2.72	0.44
1:A:3145:ILE:O	1:A:3149:GLY:HA3	2.18	0.44
1:A:3504:ALA:HB3	1:A:3505:LEU:HD12	1.99	0.44
1:A:3879:PRO:O	1:A:3883:LEU:HB2	2.18	0.44
1:A:4082:ARG:O	1:A:4086:ASP:CA	2.65	0.44
1:A:634:LEU:O	1:A:638:GLN:N	2.45	0.44
1:A:715:ALA:O	1:A:719:LYS:CB	2.65	0.44
1:A:1045:THR:HG1	1:A:1049:GLN:NE2	2.11	0.44
1:A:1801:VAL:O	1:A:1804:MET:HB2	2.18	0.44
1:A:2164:TRP:C	1:A:2167:PRO:HD2	2.43	0.44
1:A:3044:MET:O	1:A:3047:SER:OG	2.32	0.44
1:A:3052:LEU:HG	1:A:3188:PHE:HE2	1.82	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3581:PRO:O	1:A:3585:PHE:CD2	2.70	0.44
1:A:3828:TYR:O	1:A:3832:PRO:CD	2.66	0.44
1:A:4056:PRO:HA	1:A:4103:GLN:OE1	2.18	0.44
1:A:4072:PRO:CD	1:A:4073:ALA:H	2.31	0.44
1:A:385:TYR:CE1	1:A:421:LEU:HD12	2.51	0.44
1:A:786:GLN:O	1:A:788:TYR:N	2.41	0.44
1:A:1021:VAL:HB	1:A:1024:THR:HG22	2.00	0.44
1:A:1287:GLN:C	1:A:1291:LEU:HG	2.42	0.44
1:A:1479:VAL:O	1:A:1482:GLU:HB2	2.18	0.44
1:A:1715:GLU:O	1:A:1717:LEU:N	2.51	0.44
1:A:1743:MET:O	1:A:1747:LEU:HB2	2.18	0.44
1:A:1982:ILE:O	1:A:1986:ARG:N	2.44	0.44
1:A:1984:LEU:HD12	1:A:1985:LYS:CB	2.48	0.44
1:A:3629:ARG:NH2	1:A:3634:GLN:OE1	2.50	0.44
1:A:3706:ASP:CB	1:A:3715:TYR:HD2	2.31	0.44
1:A:3832:PRO:O	1:A:3836:PRO:CD	2.60	0.44
1:A:3887:PHE:HB3	1:A:3897:PHE:HE1	1.81	0.44
1:A:3901:ARG:O	1:A:3904:PHE:HB3	2.17	0.44
1:A:3917:ILE:CD1	1:A:3991:PHE:CD2	3.01	0.44
1:A:3988:LEU:HD21	1:A:3992:ARG:NH1	2.33	0.44
1:A:4081:ALA:O	1:A:4091:ALA:CB	2.66	0.44
1:A:566:ASP:C	1:A:568:PHE:H	2.25	0.44
1:A:1115:HIS:C	1:A:1117:ASP:H	2.26	0.44
1:A:3991:PHE:HD1	1:A:3998:LEU:HD12	1.83	0.44
1:A:131:LEU:HD21	1:A:173:LYS:NZ	2.34	0.43
1:A:224:LEU:HD21	1:A:252:VAL:HG21	2.00	0.43
1:A:224:LEU:HD23	1:A:268:PRO:HG3	1.99	0.43
1:A:430:VAL:HG11	1:A:1683:LYS:HG3	1.99	0.43
1:A:484:HIS:NE2	1:A:619:ASP:OD2	2.50	0.43
1:A:641:PHE:C	1:A:644:PRO:CD	2.91	0.43
1:A:653:LEU:HD22	1:A:654:ILE:N	2.32	0.43
1:A:911:LEU:H	1:A:911:LEU:HG	1.35	0.43
1:A:991:LEU:HA	1:A:994:TRP:CD1	2.52	0.43
1:A:1028:PHE:HZ	1:A:1032:CYS:HG	1.60	0.43
1:A:3045:ILE:O	1:A:3048:LYS:HB3	2.17	0.43
1:A:3168:TYR:O	1:A:3241:LYS:NZ	2.43	0.43
1:A:3607:GLU:O	1:A:3610:TYR:HB2	2.17	0.43
1:A:236:LYS:HE2	1:A:236:LYS:HB3	1.58	0.43
1:A:398:THR:C	1:A:400:THR:N	2.75	0.43
1:A:409:GLN:HG2	1:A:412:SER:HB2	2.00	0.43
1:A:1044:ILE:O	1:A:1045:THR:OG1	2.33	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1559:PHE:CA	1:A:1562:LEU:HD21	2.48	0.43
1:A:1995:GLU:OE2	1:A:2051:SER:HB3	2.18	0.43
1:A:2247:ASP:CG	1:A:2248:CYS:H	2.26	0.43
1:A:2381:ALA:HA	1:A:2384:PHE:CE1	2.53	0.43
1:A:2569:SER:HB3	1:A:2570:PRO:HD3	2.00	0.43
1:A:3039:THR:O	1:A:3042:PRO:HD2	2.19	0.43
1:A:3164:TRP:HZ3	1:A:3238:MET:CB	2.29	0.43
1:A:3828:TYR:CE1	1:A:3831:ASP:OD2	2.71	0.43
1:A:4091:ALA:HB2	1:A:4110:GLN:HE21	1.82	0.43
1:A:1747:LEU:HA	1:A:1747:LEU:HD23	1.79	0.43
1:A:2485:ARG:HH11	1:A:2530:ARG:NH1	2.16	0.43
1:A:3425:ARG:HE	1:A:3425:ARG:HB2	1.56	0.43
1:A:62:ASP:O	1:A:67:VAL:HG23	2.19	0.43
1:A:108:LYS:HE2	1:A:108:LYS:HB2	1.68	0.43
1:A:575:ILE:O	1:A:579:LEU:HD13	2.18	0.43
1:A:971:ARG:HG3	1:A:972:LEU:H	1.82	0.43
1:A:1149:LYS:O	1:A:1152:ARG:N	2.51	0.43
1:A:1364:CYS:C	1:A:1366:THR:H	2.26	0.43
1:A:3005:LEU:HB3	1:A:3006:ALA:H	1.58	0.43
1:A:3141:PHE:CE1	1:A:3145:ILE:HD11	2.53	0.43
1:A:3461:ALA:C	1:A:3465:PHE:CD2	2.87	0.43
1:A:3660:ASN:O	1:A:3663:THR:HG22	2.19	0.43
1:A:204:LEU:HD21	1:A:223:CYS:SG	2.58	0.43
1:A:286:LEU:HD12	1:A:286:LEU:O	2.19	0.43
1:A:653:LEU:HD13	1:A:653:LEU:O	2.18	0.43
1:A:790:LYS:HG3	1:A:791:ASP:N	2.33	0.43
1:A:944:LYS:C	1:A:946:THR:N	2.74	0.43
1:A:1042:LYS:C	1:A:1044:ILE:N	2.76	0.43
1:A:1763:THR:OG1	1:A:1857:LYS:HA	2.19	0.43
1:A:1865:THR:O	1:A:1868:THR:HB	2.18	0.43
1:A:2316:TYR:O	1:A:2319:ALA:HB3	2.19	0.43
1:A:3027:LEU:HA	1:A:3030:ILE:HB	2.01	0.43
1:A:3858:MET:CB	1:A:3864:ARG:HH21	2.31	0.43
1:A:287:LEU:HD11	1:A:294:PHE:HB3	2.01	0.43
1:A:1055:ASN:O	1:A:1059:LEU:HG	2.18	0.43
1:A:2060:ARG:HA	1:A:2063:THR:OG1	2.19	0.43
1:A:2097:LEU:CD2	1:A:2143:ARG:CG	2.85	0.43
1:A:2858:ILE:HD11	1:A:2884:LEU:CB	2.48	0.43
1:A:2870:SER:O	1:A:2872:ASP:N	2.52	0.43
1:A:2930:TYR:O	1:A:2934:GLY:N	2.40	0.43
1:A:3177:ASN:CB	1:A:3178:ILE:HD12	2.47	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3506:LEU:HD13	1:A:3517:SER:CB	2.46	0.43
1:A:3676:PRO:HG2	1:A:3677:PRO:HD3	2.00	0.43
1:A:4025:GLY:O	1:A:4028:ILE:HG22	2.19	0.43
1:A:4056:PRO:HG2	1:A:4095:GLU:O	2.19	0.43
1:A:37:GLY:O	1:A:41:GLU:HG3	2.18	0.43
1:A:291:VAL:HA	1:A:294:PHE:CD1	2.54	0.43
1:A:871:LEU:CD2	1:A:3121:LEU:HD21	2.48	0.43
1:A:1010:LEU:O	1:A:1014:LEU:HD22	2.19	0.43
1:A:1021:VAL:O	1:A:1024:THR:HG22	2.19	0.43
1:A:2874:ALA:O	1:A:2878:ALA:HB3	2.18	0.43
1:A:335:LYS:NZ	1:A:378:ALA:HB2	2.34	0.43
1:A:535:LEU:HD22	1:A:627:VAL:CG2	2.49	0.43
1:A:563:LEU:HD12	1:A:616:LYS:HZ3	1.82	0.43
1:A:632:GLU:O	1:A:635:PRO:HG2	2.19	0.43
1:A:862:LEU:H	1:A:862:LEU:HD12	1.84	0.43
1:A:1394:HIS:O	1:A:1397:ASP:HB2	2.19	0.43
1:A:2282:ALA:H	1:A:2287:PRO:HD3	1.84	0.43
1:A:2566:THR:HG23	1:A:2567:SER:N	2.34	0.43
1:A:2880:CYS:SG	1:A:2924:VAL:HG11	2.59	0.43
1:A:2929:LEU:O	1:A:2930:TYR:HB2	2.19	0.43
1:A:3446:VAL:HG23	1:A:3465:PHE:HE1	1.83	0.43
1:A:265:TYR:C	1:A:268:PRO:HD2	2.44	0.43
1:A:560:LEU:CD1	1:A:561:ASN:HD22	2.25	0.43
1:A:1115:HIS:O	1:A:1117:ASP:N	2.52	0.43
1:A:1220:LEU:O	1:A:1223:THR:OG1	2.29	0.43
1:A:1373:VAL:HG11	1:A:1418:HIS:NE2	2.34	0.43
1:A:1679:LEU:C	1:A:1683:LYS:HZ2	2.26	0.43
1:A:2047:THR:O	1:A:2050:GLN:HB2	2.19	0.43
1:A:2517:LEU:HD23	1:A:2517:LEU:H	1.84	0.43
1:A:3247:ARG:HD3	1:A:3281:CYS:SG	2.59	0.43
1:A:3506:LEU:HD11	1:A:3515:GLN:O	2.19	0.43
1:A:408:TYR:O	1:A:410:MET:N	2.51	0.43
1:A:911:LEU:O	1:A:914:VAL:HB	2.19	0.43
1:A:1358:LEU:HD23	1:A:1358:LEU:O	2.18	0.43
1:A:1874:TYR:HE1	1:A:1885:PRO:HG3	1.84	0.43
1:A:2425:ARG:HH21	1:A:2457:PRO:HD3	1.82	0.43
1:A:3136:THR:C	1:A:3138:ILE:H	2.26	0.43
1:A:3829:LEU:HD11	1:A:3833:ARG:HH21	1.82	0.43
1:A:473:PRO:HD2	1:A:1560:TYR:OH	2.19	0.42
1:A:1463:LEU:O	1:A:1463:LEU:HD13	2.19	0.42
1:A:1723:PRO:C	1:A:1725:GLN:N	2.77	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1982:ILE:HG22	1:A:1986:ARG:HE	1.83	0.42
1:A:2032:ALA:C	1:A:2034:SER:H	2.25	0.42
1:A:3103:ILE:HG21	1:A:3139:GLN:OE1	2.19	0.42
1:A:4121:TRP:CE3	1:A:4121:TRP:HA	2.54	0.42
1:A:307:GLU:HB2	1:A:308:LEU:HD22	1.99	0.42
1:A:1295:ALA:O	1:A:1299:GLU:N	2.50	0.42
1:A:2046:SER:O	1:A:2049:VAL:HB	2.19	0.42
1:A:2094:MET:O	1:A:2098:THR:HG23	2.20	0.42
1:A:2312:TYR:CD1	1:A:2314:GLU:O	2.70	0.42
1:A:3786:LEU:O	1:A:3910:LEU:HD21	2.19	0.42
1:A:984:TYR:HD2	1:A:984:TYR:HA	1.62	0.42
1:A:1594:SER:O	1:A:1597:LEU:HB3	2.19	0.42
1:A:2926:LEU:O	1:A:2931:ARG:NH2	2.45	0.42
1:A:2953:THR:H	1:A:2953:THR:HG1	1.61	0.42
1:A:3098:ARG:O	1:A:3102:TYR:HD2	2.03	0.42
1:A:3736:LYS:HE3	1:A:3736:LYS:HB2	1.65	0.42
1:A:4048:LYS:O	1:A:4051:LEU:HB2	2.19	0.42
1:A:13:LEU:HA	1:A:16:GLN:NE2	2.34	0.42
1:A:169:THR:HB	1:A:218:PRO:HG3	2.00	0.42
1:A:655:LEU:N	1:A:655:LEU:CD2	2.73	0.42
1:A:995:PHE:CD2	1:A:1003:SER:HA	2.51	0.42
1:A:1378:GLU:C	1:A:1380:ALA:H	2.28	0.42
1:A:1871:MET:HA	1:A:1874:TYR:CD1	2.54	0.42
1:A:2164:TRP:O	1:A:2167:PRO:HD2	2.19	0.42
1:A:2439:ILE:H	1:A:2439:ILE:HG13	1.48	0.42
1:A:2552:VAL:HG11	1:A:2553:HIS:CE1	2.48	0.42
1:A:4011:PHE:HA	1:A:4015:ASN:HB2	2.01	0.42
1:A:464:VAL:HG23	1:A:465:PHE:N	2.33	0.42
1:A:528:VAL:CG1	1:A:619:ASP:CG	2.92	0.42
1:A:535:LEU:HD22	1:A:627:VAL:HG21	2.01	0.42
1:A:699:GLU:OE1	1:A:699:GLU:N	2.52	0.42
1:A:1014:LEU:HD21	1:A:1028:PHE:CE2	2.54	0.42
1:A:1015:ASP:O	1:A:1018:VAL:N	2.50	0.42
1:A:1495:ASP:OD1	1:A:1496:GLU:N	2.52	0.42
1:A:1688:LEU:HA	1:A:1688:LEU:HD22	1.89	0.42
1:A:2096:PRO:HA	1:A:2099:ALA:HB3	2.01	0.42
1:A:3319:ASN:O	1:A:3322:ALA:HB3	2.19	0.42
1:A:3876:SER:HA	1:A:3879:PRO:HD2	2.01	0.42
1:A:564:LEU:C	1:A:566:ASP:N	2.78	0.42
1:A:852:ARG:O	1:A:856:VAL:HG23	2.20	0.42
1:A:3398:PRO:HG2	1:A:3399:PRO:HD3	2.02	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3640:PHE:HB3	1:A:3644:PHE:CE2	2.54	0.42
1:A:3767:LEU:O	1:A:3771:MET:HG2	2.20	0.42
1:A:414:LEU:HD22	1:A:442:GLN:HG3	2.01	0.42
1:A:416:SER:HA	1:A:419:SER:HB2	2.02	0.42
1:A:560:LEU:CD1	1:A:561:ASN:ND2	2.83	0.42
1:A:883:TYR:CD2	1:A:911:LEU:HD21	2.55	0.42
1:A:1373:VAL:O	1:A:1375:THR:HG22	2.20	0.42
1:A:1640:GLU:O	1:A:1644:ALA:HB2	2.20	0.42
1:A:2477:LEU:O	1:A:2481:HIS:N	2.53	0.42
1:A:2513:GLU:O	1:A:2514:ASN:C	2.62	0.42
1:A:3622:ALA:HB1	1:A:3623:PRO:HD2	2.00	0.42
1:A:3988:LEU:HD11	1:A:3992:ARG:CZ	2.50	0.42
1:A:484:HIS:O	1:A:485:GLN:C	2.63	0.42
1:A:1042:LYS:HD2	1:A:1042:LYS:HA	1.83	0.42
1:A:2265:PRO:C	1:A:2267:SER:N	2.78	0.42
1:A:2313:LYS:O	1:A:2316:TYR:CE2	2.70	0.42
1:A:2552:VAL:HG22	1:A:2553:HIS:N	2.35	0.42
1:A:2961:ALA:C	1:A:2963:SER:N	2.76	0.42
1:A:3065:ILE:HD12	1:A:3065:ILE:HA	1.82	0.42
1:A:3462:ARG:O	1:A:3466:PRO:HD2	2.20	0.42
1:A:3581:PRO:C	1:A:3585:PHE:CE2	2.98	0.42
1:A:4013:TRP:C	1:A:4015:ASN:N	2.74	0.42
1:A:132:ILE:O	1:A:135:LEU:HB2	2.20	0.42
1:A:1009:LEU:HA	1:A:1012:ALA:HB3	2.01	0.42
1:A:1590:THR:HG23	1:A:1591:LYS:N	2.34	0.42
1:A:1981:LEU:O	1:A:1984:LEU:HG	2.20	0.42
1:A:1992:VAL:HG23	1:A:2044:ASP:OD2	2.19	0.42
1:A:2135:ASN:O	1:A:2137:ILE:N	2.48	0.42
1:A:2137:ILE:HG23	1:A:2140:LEU:HD12	2.01	0.42
1:A:2220:MET:HA	1:A:2223:VAL:HG22	2.02	0.42
1:A:2869:LEU:CA	1:A:2892:LEU:HD12	2.50	0.42
1:A:2994:TRP:CD1	1:A:2994:TRP:H	2.37	0.42
1:A:3118:ASP:O	1:A:3120:LEU:N	2.49	0.42
1:A:3231:ILE:O	1:A:3235:LYS:HG3	2.19	0.42
1:A:3259:LEU:HD13	1:A:3279:SER:HB2	2.01	0.42
1:A:3493:TRP:HB3	1:A:3494:GLN:H	1.62	0.42
1:A:4080:VAL:CG1	1:A:4116:ILE:CB	2.98	0.42
1:A:348:ILE:H	1:A:348:ILE:HG13	1.68	0.42
1:A:385:TYR:OH	1:A:435:LEU:HD23	2.20	0.42
1:A:474:VAL:HG13	1:A:1560:TYR:OH	2.20	0.42
1:A:573:LEU:O	1:A:576:VAL:HB	2.19	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1157:PHE:N	1:A:1158:PRO:HD2	2.31	0.42
1:A:1468:LEU:HB2	1:A:1469:PRO:HD3	2.01	0.42
1:A:1710:LEU:HD23	1:A:1710:LEU:HA	1.75	0.42
1:A:2344:LEU:O	1:A:2348:GLN:HG3	2.19	0.42
1:A:2822:LYS:HG3	1:A:2823:PHE:HD2	1.85	0.42
1:A:3052:LEU:HG	1:A:3188:PHE:CE2	2.55	0.42
1:A:3141:PHE:CE1	1:A:3145:ILE:HG13	2.55	0.42
1:A:3240:MET:SD	1:A:3262:LEU:HD21	2.60	0.42
1:A:3287:ARG:CB	1:A:3293:CYS:CB	2.97	0.42
1:A:3758:LEU:HD22	1:A:3761:ASP:OD2	2.19	0.42
1:A:4104:VAL:HA	1:A:4107:LEU:HB2	2.01	0.42
1:A:265:TYR:CE1	1:A:300:TRP:HZ3	2.38	0.41
1:A:273:ARG:HG3	1:A:274:LEU:N	2.35	0.41
1:A:376:ILE:CB	1:A:423:TYR:HE2	2.33	0.41
1:A:559:SER:O	1:A:563:LEU:HG	2.20	0.41
1:A:636:GLU:OE1	1:A:636:GLU:HA	2.20	0.41
1:A:641:PHE:CA	1:A:644:PRO:HD3	2.49	0.41
1:A:923:ASP:C	1:A:925:GLN:H	2.28	0.41
1:A:989:MET:HA	1:A:992:ILE:CG1	2.48	0.41
1:A:1094:SER:C	1:A:1096:VAL:H	2.28	0.41
1:A:1362:ASP:OD1	1:A:1362:ASP:N	2.52	0.41
1:A:1676:ILE:O	1:A:1678:LEU:N	2.41	0.41
1:A:1911:LEU:HD23	1:A:1911:LEU:HA	1.91	0.41
1:A:2068:ARG:O	1:A:2069:ARG:HB2	2.16	0.41
1:A:2368:THR:C	1:A:2370:SER:H	2.27	0.41
1:A:2510:LEU:HD22	1:A:2522:ARG:HG3	2.02	0.41
1:A:2871:LEU:HD22	1:A:2873:PRO:CB	2.49	0.41
1:A:3241:LYS:C	1:A:3243:ILE:H	2.28	0.41
1:A:3619:ASP:N	1:A:3620:PRO:CD	2.83	0.41
1:A:4013:TRP:O	1:A:4015:ASN:N	2.48	0.41
1:A:173:LYS:O	1:A:176:GLU:N	2.53	0.41
1:A:966:PHE:N	1:A:967:PRO:CD	2.83	0.41
1:A:1033:ILE:HD13	1:A:1034:ARG:NH1	2.34	0.41
1:A:1078:ALA:C	1:A:1080:LEU:H	2.29	0.41
1:A:1676:ILE:C	1:A:1678:LEU:H	2.24	0.41
1:A:2187:VAL:O	1:A:2190:VAL:HG22	2.20	0.41
1:A:2460:GLU:O	1:A:2462:VAL:N	2.54	0.41
1:A:3283:LEU:HG	1:A:3300:VAL:CG2	2.44	0.41
1:A:3461:ALA:C	1:A:3465:PHE:CE2	2.97	0.41
1:A:3856:MET:CB	1:A:4072:PRO:HG2	2.50	0.41
1:A:3883:LEU:HD13	1:A:3970:LEU:HB2	2.02	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3954:PRO:HG2	1:A:4031:ILE:HD11	2.02	0.41
1:A:4088:ASN:C	1:A:4090:ARG:H	2.29	0.41
1:A:204:LEU:HD11	1:A:223:CYS:HB3	2.02	0.41
1:A:557:SER:O	1:A:561:ASN:CB	2.63	0.41
1:A:1487:VAL:HG13	1:A:1488:TYR:N	2.35	0.41
1:A:1743:MET:HE2	1:A:1743:MET:HB2	1.82	0.41
1:A:1966:LEU:HD13	1:A:1991:PRO:HB3	2.02	0.41
1:A:2320:ALA:HA	1:A:2323:LEU:HD12	2.01	0.41
1:A:2789:SER:O	1:A:2793:PRO:HD3	2.20	0.41
1:A:2926:LEU:C	1:A:2931:ARG:HH21	2.27	0.41
1:A:3525:TYR:N	1:A:3526:PRO:HD2	2.35	0.41
1:A:3631:LYS:O	1:A:3634:GLN:HB3	2.20	0.41
1:A:4057:ALA:HB1	1:A:4060:THR:HB	2.02	0.41
1:A:344:GLN:O	1:A:348:ILE:HG13	2.20	0.41
1:A:573:LEU:HD23	1:A:573:LEU:HA	1.93	0.41
1:A:660:LEU:HD12	1:A:661:PRO:HG3	2.03	0.41
1:A:715:ALA:HB2	1:A:734:LEU:CD2	2.51	0.41
1:A:785:MET:CE	1:A:788:TYR:HB3	2.48	0.41
1:A:1060:PHE:HA	1:A:1063:LEU:HG	2.03	0.41
1:A:1224:PHE:CD1	1:A:1228:GLY:HA3	2.56	0.41
1:A:2472:GLN:HG3	1:A:2476:ILE:HG23	2.02	0.41
1:A:2485:ARG:CD	1:A:2530:ARG:HH12	2.34	0.41
1:A:2922:ARG:HA	1:A:2930:TYR:CD1	2.52	0.41
1:A:3389:VAL:HA	1:A:3392:ALA:HB3	2.02	0.41
1:A:3506:LEU:HD11	1:A:3515:GLN:C	2.45	0.41
1:A:3906:SER:O	1:A:3910:LEU:HD13	2.20	0.41
1:A:4031:ILE:O	1:A:4035:GLU:N	2.52	0.41
1:A:310:LYS:HE3	1:A:310:LYS:HB2	1.85	0.41
1:A:349:ILE:HG12	1:A:364:ARG:HD2	2.03	0.41
1:A:464:VAL:CG2	1:A:465:PHE:N	2.84	0.41
1:A:1070:PRO:CG	1:A:3741:ARG:HH21	2.24	0.41
1:A:1395:LEU:C	1:A:1397:ASP:N	2.78	0.41
1:A:2190:VAL:HA	1:A:2193:ILE:CG2	2.46	0.41
1:A:2259:LYS:CE	1:A:2261:SER:HB3	2.51	0.41
1:A:2557:LEU:HD12	1:A:2557:LEU:N	2.34	0.41
1:A:2822:LYS:HG3	1:A:2823:PHE:CD2	2.56	0.41
1:A:3048:LYS:HE3	1:A:3049:LEU:HD23	2.02	0.41
1:A:3297:VAL:HG13	1:A:3328:ILE:HG22	2.03	0.41
1:A:3966:GLN:HA	1:A:3969:ASN:OD1	2.19	0.41
1:A:267:VAL:CG2	1:A:268:PRO:HD3	2.49	0.41
1:A:275:PHE:O	1:A:276:ALA:C	2.63	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:348:ILE:HG23	1:A:357:LYS:HE3	2.01	0.41
1:A:613:HIS:O	1:A:617:PRO:HD2	2.21	0.41
1:A:867:ASN:C	1:A:869:ASN:N	2.76	0.41
1:A:1476:HIS:O	1:A:1479:VAL:HB	2.20	0.41
1:A:1867:ILE:O	1:A:1871:MET:N	2.53	0.41
1:A:2317:ALA:O	1:A:2319:ALA:N	2.54	0.41
1:A:2398:LEU:HD22	1:A:2432:GLN:HA	2.02	0.41
1:A:3333:THR:HG21	1:A:3386:SER:HB3	2.02	0.41
1:A:3409:VAL:HG23	1:A:3410:ILE:N	2.36	0.41
1:A:3515:GLN:NE2	1:A:3551:ASN:CG	2.76	0.41
1:A:3738:ILE:N	1:A:3750:PHE:O	2.47	0.41
1:A:3994:ASP:OD1	1:A:3994:ASP:N	2.54	0.41
1:A:4051:LEU:C	1:A:4053:GLY:H	2.29	0.41
1:A:4066:LEU:HD12	1:A:4066:LEU:C	2.39	0.41
1:A:804:ALA:HB2	1:A:855:VAL:HG11	2.02	0.41
1:A:1120:SER:C	1:A:1122:GLY:N	2.78	0.41
1:A:1746:PHE:O	1:A:1750:LEU:HG	2.21	0.41
1:A:2046:SER:HB2	1:A:2096:PRO:HG3	2.02	0.41
1:A:2276:LEU:O	1:A:2280:VAL:HG22	2.21	0.41
1:A:3291:GLN:HA	1:A:3291:GLN:HE21	1.85	0.41
1:A:157:TYR:HD1	1:A:160:LEU:HD21	1.83	0.41
1:A:390:GLN:O	1:A:393:LYS:HG2	2.20	0.41
1:A:480:SER:HA	1:A:483:VAL:CG2	2.32	0.41
1:A:1713:VAL:HA	1:A:1716:GLN:OE1	2.21	0.41
1:A:1989:ASN:O	1:A:1993:GLU:HB2	2.21	0.41
1:A:3283:LEU:HD22	1:A:3296:GLN:CB	2.40	0.41
1:A:3303:THR:HG22	1:A:3306:LEU:HD22	2.01	0.41
1:A:3387:GLU:HA	1:A:3390:GLN:HB3	2.03	0.41
1:A:3997:LEU:H	1:A:3997:LEU:HD12	1.85	0.41
1:A:38:LEU:HA	1:A:41:GLU:CD	2.46	0.41
1:A:461:ILE:HG23	1:A:465:PHE:CE2	2.55	0.41
1:A:481:THR:HG23	1:A:558:GLU:OE1	2.21	0.41
1:A:560:LEU:C	1:A:562:HIS:N	2.79	0.41
1:A:720:GLN:O	1:A:1020:PRO:HB2	2.21	0.41
1:A:1009:LEU:O	1:A:1013:ILE:HG12	2.20	0.41
1:A:1148:ALA:HA	1:A:1151:ARG:NH2	2.32	0.41
1:A:1388:ASP:HA	1:A:1392:MET:CB	2.50	0.41
1:A:1571:LEU:HD22	1:A:1600:MET:N	2.36	0.41
1:A:1647:ALA:O	1:A:1651:LYS:HG2	2.21	0.41
1:A:1941:HIS:HB3	1:A:1990:PHE:HZ	1.85	0.41
1:A:2232:ARG:H	1:A:2232:ARG:HG3	1.52	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:3128:LYS:O	1:A:3130:GLN:N	2.53	0.41
1:A:3239:LYS:HD2	1:A:3239:LYS:HA	1.87	0.41
1:A:3334:TYR:CG	1:A:3335:ARG:N	2.88	0.41
1:A:3559:LYS:O	1:A:3562:LEU:HG	2.21	0.41
1:A:3568:ILE:N	1:A:3568:ILE:CD1	2.73	0.41
1:A:3683:CYS:SG	1:A:3724:GLU:HG2	2.61	0.41
1:A:3828:TYR:CD1	1:A:3831:ASP:OD2	2.73	0.41
1:A:3875:GLU:O	1:A:3879:PRO:HD3	2.21	0.41
1:A:3964:THR:HG22	1:A:3966:GLN:HG3	2.01	0.41
1:A:4075:ARG:C	1:A:4078:VAL:HG22	2.45	0.41
1:A:234:PHE:CD2	1:A:278:HIS:HE1	2.39	0.41
1:A:398:THR:HB	1:A:401:ASP:OD2	2.21	0.41
1:A:562:HIS:O	1:A:562:HIS:CG	2.74	0.41
1:A:967:PRO:HB3	1:A:1031:ARG:NH1	2.35	0.41
1:A:1557:GLU:C	1:A:1559:PHE:N	2.79	0.41
1:A:2317:ALA:C	1:A:2319:ALA:N	2.76	0.41
1:A:3167:ARG:HH11	1:A:3186:ARG:HH12	1.67	0.41
1:A:3535:ILE:HG13	1:A:3536:SER:N	2.35	0.41
1:A:234:PHE:HD2	1:A:278:HIS:HE1	1.68	0.40
1:A:385:TYR:CD2	1:A:385:TYR:C	2.98	0.40
1:A:436:GLU:O	1:A:439:VAL:N	2.49	0.40
1:A:591:GLN:CD	1:A:1034:ARG:HH12	2.25	0.40
1:A:613:HIS:O	1:A:617:PRO:CD	2.70	0.40
1:A:706:LEU:HA	1:A:709:LYS:HB3	2.02	0.40
1:A:732:PHE:CD2	1:A:733:LEU:N	2.89	0.40
1:A:963:LYS:HD3	1:A:963:LYS:HA	1.75	0.40
1:A:973:ALA:HB1	1:A:980:THR:HB	2.03	0.40
1:A:1938:ARG:HB2	1:A:1986:ARG:HH21	1.85	0.40
1:A:1991:PRO:O	1:A:1994:VAL:HG12	2.21	0.40
1:A:2918:PRO:HA	1:A:2921:LEU:CD2	2.51	0.40
1:A:3284:SER:O	1:A:3287:ARG:HB2	2.21	0.40
1:A:3899:ALA:C	1:A:3902:SER:HB2	2.46	0.40
1:A:473:PRO:C	1:A:475:LEU:N	2.78	0.40
1:A:1009:LEU:HD23	1:A:1010:LEU:H	1.86	0.40
1:A:1056:THR:HA	1:A:1059:LEU:HG	2.02	0.40
1:A:1363:LEU:HA	1:A:1363:LEU:HD23	1.87	0.40
1:A:1809:ASP:N	1:A:1810:PRO:HD2	2.36	0.40
1:A:1959:LEU:HD22	1:A:1959:LEU:HA	1.79	0.40
1:A:2086:ASP:O	1:A:2089:ASN:CB	2.69	0.40
1:A:2089:ASN:O	1:A:2090:ARG:CB	2.69	0.40
1:A:2793:PRO:C	1:A:2795:GLN:N	2.77	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:2816:ILE:O	1:A:2820:MET:HG3	2.21	0.40
1:A:2990:GLU:HB3	1:A:2994:TRP:NE1	2.37	0.40
1:A:3076:ALA:C	1:A:3080:LEU:HG	2.46	0.40
1:A:3844:THR:HA	1:A:3847:SER:O	2.21	0.40
1:A:3934:THR:O	1:A:3934:THR:OG1	2.38	0.40
1:A:208:MET:O	1:A:209:THR:HG23	2.22	0.40
1:A:441:MET:O	1:A:445:SER:N	2.54	0.40
1:A:447:PRO:HG3	1:A:530:LEU:CB	2.52	0.40
1:A:633:ILE:O	1:A:637:LYS:CA	2.68	0.40
1:A:1036:PHE:O	1:A:1039:TRP:HB3	2.21	0.40
1:A:1521:PHE:N	1:A:1524:LEU:HD13	2.32	0.40
1:A:1730:PRO:N	1:A:1731:PRO:HD2	2.36	0.40
1:A:2469:CYS:O	1:A:2473:MET:N	2.38	0.40
1:A:2539:LEU:HD13	1:A:2539:LEU:HA	1.84	0.40
1:A:2871:LEU:HD23	1:A:2871:LEU:O	2.21	0.40
1:A:2911:ARG:O	1:A:2913:LYS:N	2.54	0.40
1:A:3967:PHE:CE1	1:A:3971:MET:HE3	2.57	0.40
1:A:3970:LEU:C	1:A:3972:LEU:N	2.80	0.40
1:A:35:ILE:O	1:A:39:GLY:N	2.53	0.40
1:A:429:GLU:C	1:A:431:TYR:H	2.23	0.40
1:A:471:LYS:HA	1:A:1553:PHE:CZ	2.56	0.40
1:A:639:ALA:O	1:A:703:CYS:SG	2.79	0.40
1:A:787:PRO:HA	1:A:789:TYR:HE1	1.86	0.40
1:A:956:PRO:HB2	1:A:957:PRO:CD	2.51	0.40
1:A:1028:PHE:O	1:A:1029:CYS:C	2.64	0.40
1:A:1097:GLU:HA	1:A:1100:VAL:CG1	2.50	0.40
1:A:1292:LYS:NZ	1:A:1358:LEU:HD21	2.36	0.40
1:A:1573:LYS:NZ	1:A:1577:LEU:HD21	2.37	0.40
1:A:2027:SER:C	1:A:2028:LEU:HD13	2.46	0.40
1:A:2141:ASN:O	1:A:2144:LEU:N	2.55	0.40
1:A:2182:ILE:O	1:A:2186:VAL:HG12	2.22	0.40
1:A:2451:LEU:HD11	1:A:2480:ILE:HD11	2.04	0.40
1:A:1135:CYS:HA	1:A:1138:ILE:CD1	2.51	0.40
1:A:1259:LEU:HD21	1:A:1337:VAL:HA	2.03	0.40
1:A:1911:LEU:HD13	1:A:1916:ILE:CG2	2.49	0.40
1:A:2439:ILE:O	1:A:2442:MET:N	2.50	0.40
1:A:2525:TRP:C	1:A:2527:HIS:N	2.79	0.40
1:A:2797:VAL:C	1:A:2799:GLN:N	2.79	0.40
1:A:2911:ARG:C	1:A:2913:LYS:N	2.78	0.40
1:A:2913:LYS:C	1:A:2915:ARG:H	2.29	0.40
1:A:3465:PHE:N	1:A:3466:PRO:HD2	2.37	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:4020:MET:C	1:A:4022:LYS:N	2.78	0.40
1:A:4051:LEU:C	1:A:4053:GLY:N	2.79	0.40

There are no symmetry-related clashes.

5.3 Torsion angles [i](#)

5.3.1 Protein backbone [i](#)

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all PDB entries followed by that with respect to all EM 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	3511/4128 (85%)	2776 (79%)	547 (16%)	188 (5%)	1	15

All (188) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	209	THR
1	A	565	TYR
1	A	623	PHE
1	A	624	ILE
1	A	638	GLN
1	A	652	GLU
1	A	768	VAL
1	A	868	LYS
1	A	1001	PHE
1	A	1070	PRO
1	A	1074	LYS
1	A	1163	LEU
1	A	1216	GLY
1	A	1420	ARG
1	A	1500	LEU
1	A	1567	ILE
1	A	1731	PRO
1	A	1891	ALA
1	A	1915	LEU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	2069	ARG
1	A	2126	MET
1	A	2140	LEU
1	A	2315	VAL
1	A	2371	PHE
1	A	2372	PRO
1	A	2567	SER
1	A	3146	SER
1	A	3407	ALA
1	A	3499	ILE
1	A	3581	PRO
1	A	3920	ILE
1	A	3972	LEU
1	A	3979	LEU
1	A	4056	PRO
1	A	4072	PRO
1	A	333	MET
1	A	335	LYS
1	A	358	GLU
1	A	474	VAL
1	A	559	SER
1	A	707	PHE
1	A	740	ILE
1	A	782	ARG
1	A	904	VAL
1	A	956	PRO
1	A	1016	GLY
1	A	1073	PHE
1	A	1094	SER
1	A	1121	LEU
1	A	1165	LEU
1	A	1760	GLU
1	A	2000	ARG
1	A	2090	ARG
1	A	2124	SER
1	A	2356	MET
1	A	2412	TYR
1	A	2795	GLN
1	A	2802	PRO
1	A	2946	GLU
1	A	3024	PRO
1	A	3118	ASP

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	3335	ARG
1	A	3497	SER
1	A	3677	PRO
1	A	3681	LYS
1	A	3744	ASP
1	A	3758	LEU
1	A	3777	GLN
1	A	3835	PRO
1	A	3922	ASP
1	A	3960	PRO
1	A	3980	MET
1	A	4040	PRO
1	A	4057	ALA
1	A	4089	ILE
1	A	28	ALA
1	A	98	GLN
1	A	162	LEU
1	A	307	GLU
1	A	334	HIS
1	A	430	VAL
1	A	751	ALA
1	A	878	GLU
1	A	903	PRO
1	A	945	ALA
1	A	1139	GLU
1	A	1141	LYS
1	A	1150	LYS
1	A	1161	ALA
1	A	1231	GLN
1	A	1238	GLN
1	A	1304	HIS
1	A	1437	TYR
1	A	1439	PRO
1	A	1729	PHE
1	A	1914	THR
1	A	2021	GLY
1	A	2123	PRO
1	A	2266	ASN
1	A	2284	ASP
1	A	2445	LYS
1	A	3034	PRO
1	A	3156	PRO

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	3494	GLN
1	A	3565	GLY
1	A	3704	GLN
1	A	3711	PRO
1	A	3771	MET
1	A	3785	ALA
1	A	3821	SER
1	A	3823	GLU
1	A	3936	GLY
1	A	3997	LEU
1	A	4021	LEU
1	A	140	SER
1	A	399	GLN
1	A	567	GLU
1	A	1130	ALA
1	A	1157	PHE
1	A	1370	ARG
1	A	1490	GLY
1	A	2067	ARG
1	A	2183	HIS
1	A	2319	ALA
1	A	2512	ASP
1	A	2914	ALA
1	A	2959	ALA
1	A	3516	HIS
1	A	3654	MET
1	A	3860	LYS
1	A	4014	LYS
1	A	4020	MET
1	A	4052	ALA
1	A	4119	ARG
1	A	705	ALA
1	A	739	ASN
1	A	949	PRO
1	A	1053	PRO
1	A	1178	ARG
1	A	1365	ASN
1	A	1468	LEU
1	A	1469	PRO
1	A	1698	PHE
1	A	1708	GLU
1	A	2031	LEU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	2135	ASN
1	A	2139	PRO
1	A	2185	MET
1	A	2223	VAL
1	A	2289	ASP
1	A	2353	GLN
1	A	2393	LEU
1	A	2553	HIS
1	A	3155	VAL
1	A	3567	VAL
1	A	3959	MET
1	A	3995	PRO
1	A	4041	ARG
1	A	4118	GLY
1	A	1020	PRO
1	A	2131	GLY
1	A	2205	VAL
1	A	2248	CYS
1	A	2261	SER
1	A	3019	ILE
1	A	495	VAL
1	A	1054	VAL
1	A	1122	GLY
1	A	2912	GLY
1	A	3496	ILE
1	A	1379	PRO
1	A	2022	PRO
1	A	2938	VAL
1	A	3619	ASP
1	A	3710	LYS
1	A	167	PRO
1	A	372	PRO
1	A	3526	PRO
1	A	4008	GLU
1	A	585	ILE
1	A	1276	VAL
1	A	1371	VAL
1	A	1952	ILE
1	A	1955	VAL
1	A	2201	THR
1	A	2448	PRO
1	A	2778	GLY

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	3712	LEU

5.3.2 Protein sidechains ⓘ

In the following table, the Percentiles column shows the percent sidechain outliers of the chain as a percentile score with respect to all PDB entries followed by that with respect to all EM 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	2460/3671 (67%)	2429 (99%)	31 (1%)	61	72

All (31) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	534	LEU
1	A	653	LEU
1	A	655	LEU
1	A	663	ILE
1	A	717	LYS
1	A	736	LEU
1	A	992	ILE
1	A	994	TRP
1	A	1014	LEU
1	A	1068	LEU
1	A	1070	PRO
1	A	1562	LEU
1	A	1588	ASP
1	A	1695	LEU
1	A	1959	LEU
1	A	1983	ASP
1	A	2156	VAL
1	A	2312	TYR
1	A	2554	PHE
1	A	2555	LEU
1	A	2566	THR
1	A	2844	LEU
1	A	3177	ASN
1	A	3178	ILE
1	A	3416	LEU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	3451	LEU
1	A	3505	LEU
1	A	3568	ILE
1	A	3920	ILE
1	A	3953	LEU
1	A	4062	ASP

Sometimes sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (26) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	16	GLN
1	A	233	ASN
1	A	303	HIS
1	A	334	HIS
1	A	437	HIS
1	A	442	GLN
1	A	561	ASN
1	A	656	GLN
1	A	869	ASN
1	A	993	HIS
1	A	997	ASN
1	A	1049	GLN
1	A	1055	ASN
1	A	1394	HIS
1	A	1466	ASN
1	A	1909	ASN
1	A	1941	HIS
1	A	2527	HIS
1	A	3278	GLN
1	A	3291	GLN
1	A	3515	GLN
1	A	3671	ASN
1	A	3679	ASN
1	A	3903	HIS
1	A	3927	ASN
1	A	3966	GLN

5.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

5.5 Carbohydrates [i](#)

There are no oligosaccharides in this entry.

5.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

5.7 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

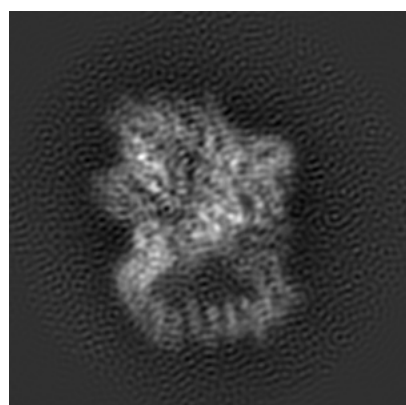
6 Map visualisation [i](#)

This section contains visualisations of the EMDB entry EMD-8751. These allow visual inspection of the internal detail of the map and identification of artifacts.

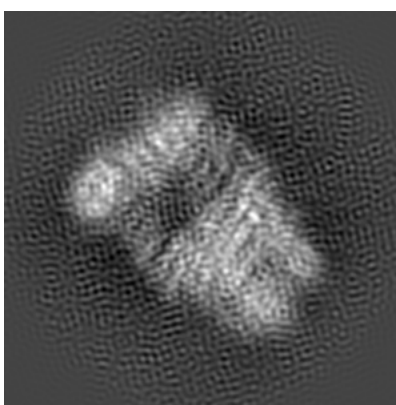
No raw map or half-maps were deposited for this entry and therefore no images, graphs, etc. pertaining to the raw map can be shown.

6.1 Orthogonal projections [i](#)

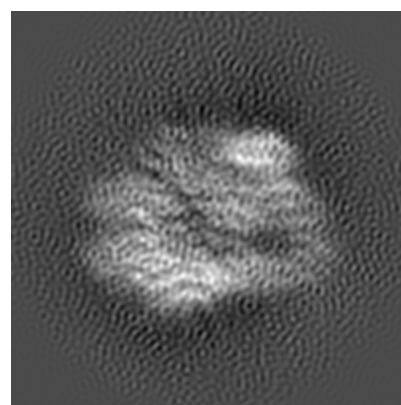
6.1.1 Primary map



X



Y

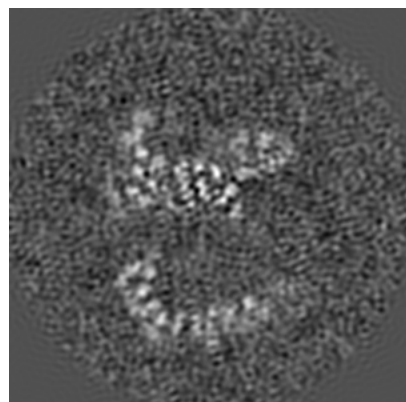


Z

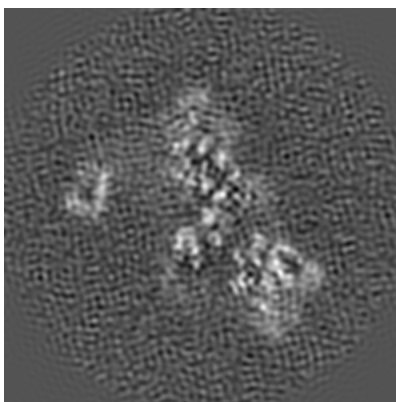
The images above show the map projected in three orthogonal directions.

6.2 Central slices [i](#)

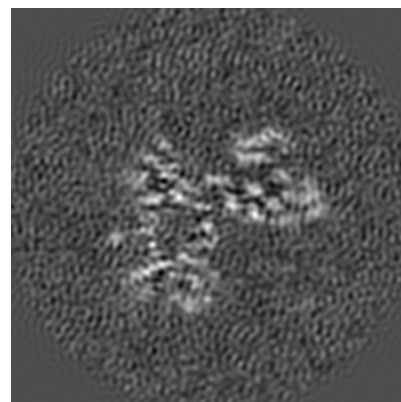
6.2.1 Primary map



X Index: 80



Y Index: 80

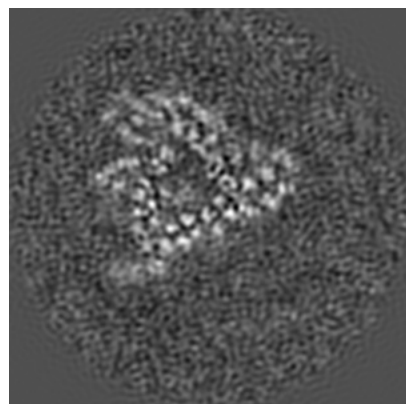


Z Index: 80

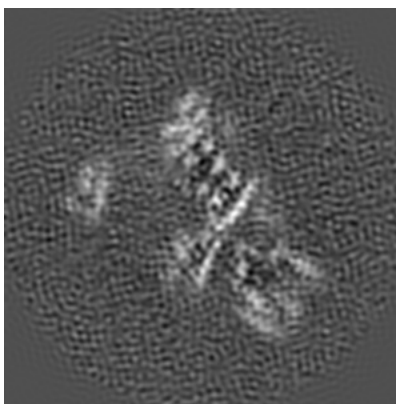
The images above show central slices of the map in three orthogonal directions.

6.3 Largest variance slices [i](#)

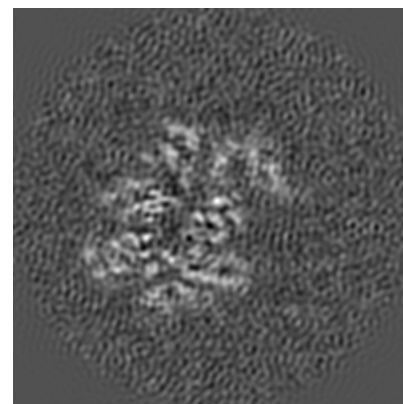
6.3.1 Primary map



X Index: 61



Y Index: 82

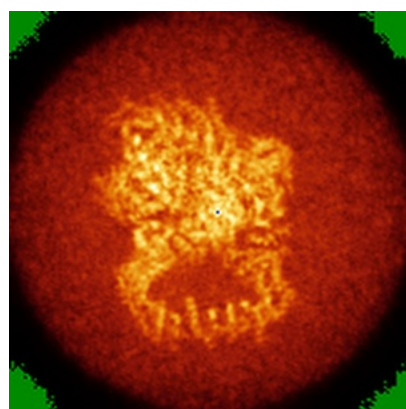


Z Index: 95

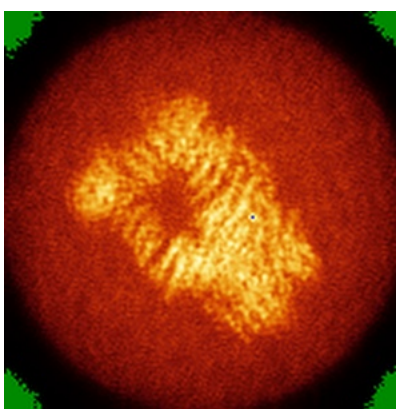
The images above show the largest variance slices of the map in three orthogonal directions.

6.4 Orthogonal standard-deviation projections (False-color) [i](#)

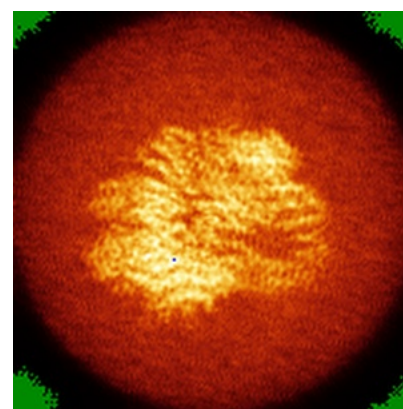
6.4.1 Primary map



X



Y

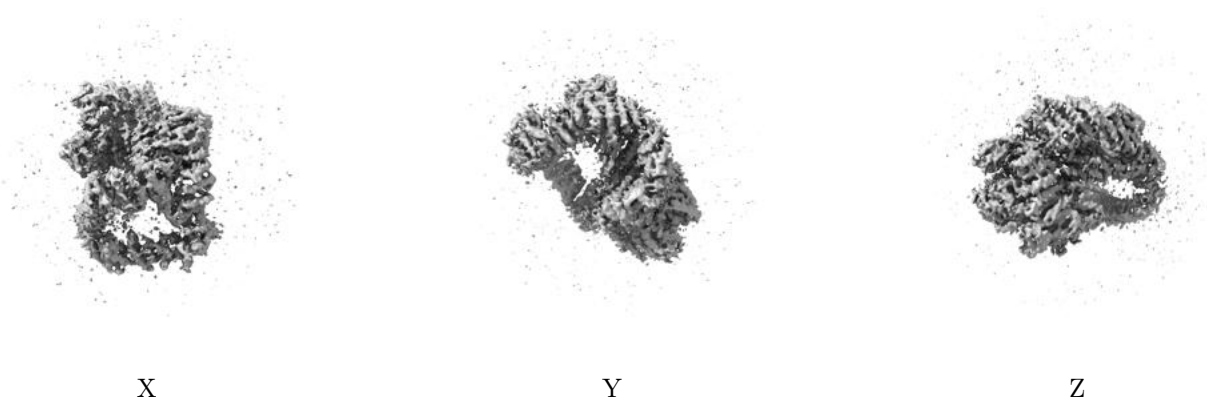


Z

The images above show the map standard deviation projections with false color in three orthogonal directions. Minimum values are shown in green, max in blue, and dark to light orange shades represent small to large values respectively.

6.5 Orthogonal surface views [i](#)

6.5.1 Primary map



The images above show the 3D surface view of the map at the recommended contour level 0.016. These images, in conjunction with the slice images, may facilitate assessment of whether an appropriate contour level has been provided.

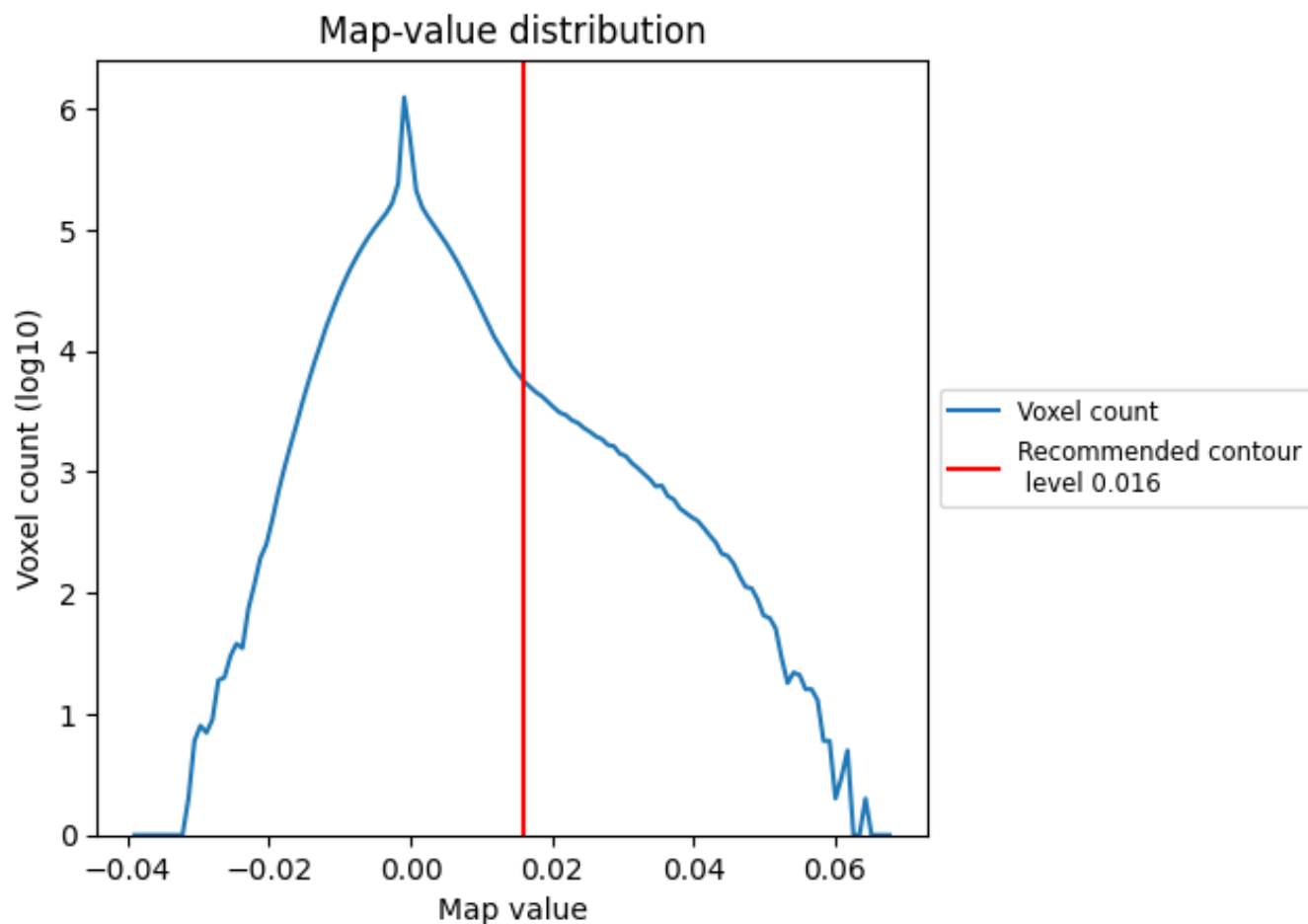
6.6 Mask visualisation [i](#)

This section was not generated. No masks/segmentation were deposited.

7 Map analysis [i](#)

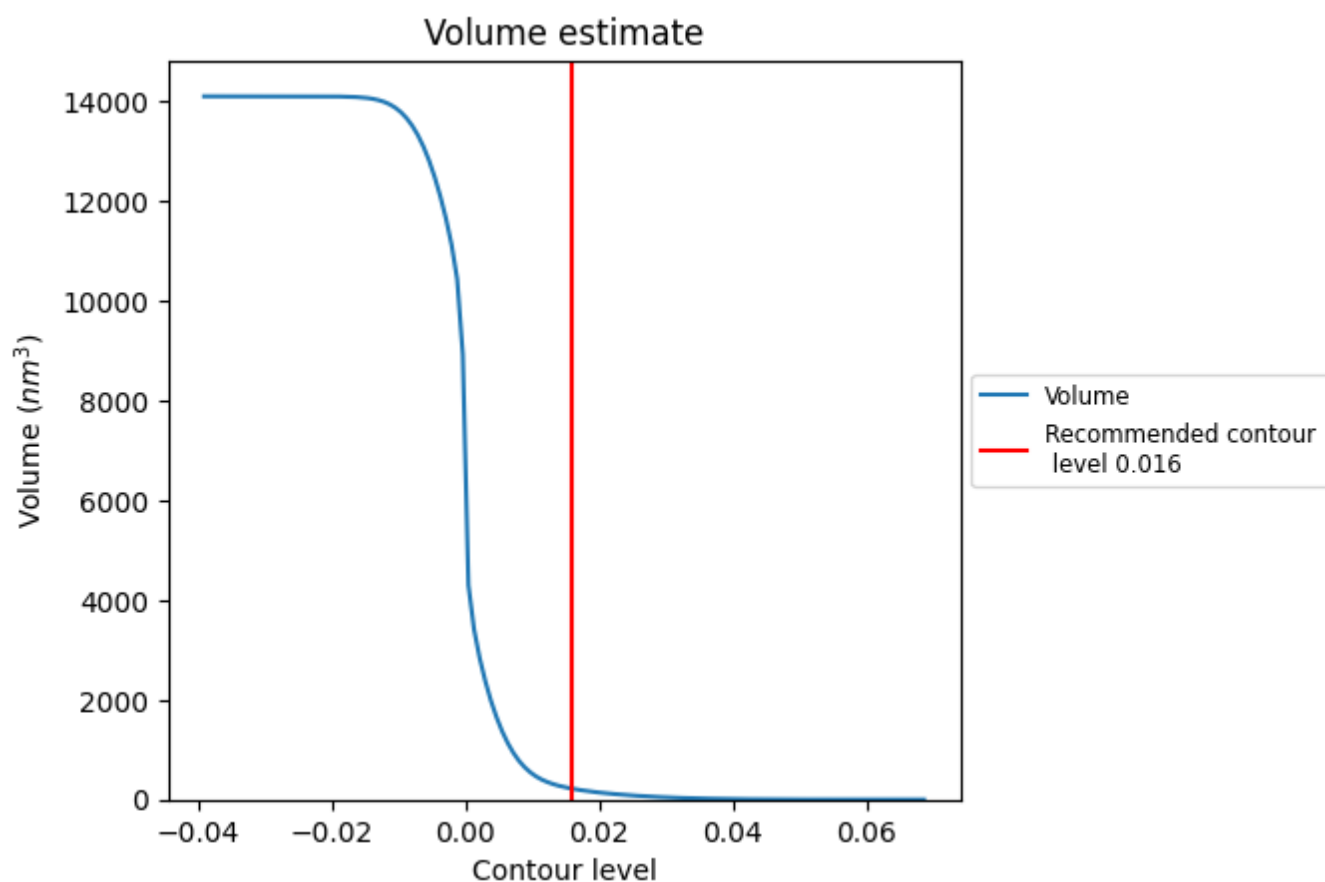
This section contains the results of statistical analysis of the map.

7.1 Map-value distribution [i](#)



The map-value distribution is plotted in 128 intervals along the x-axis. The y-axis is logarithmic. A spike in this graph at zero usually indicates that the volume has been masked.

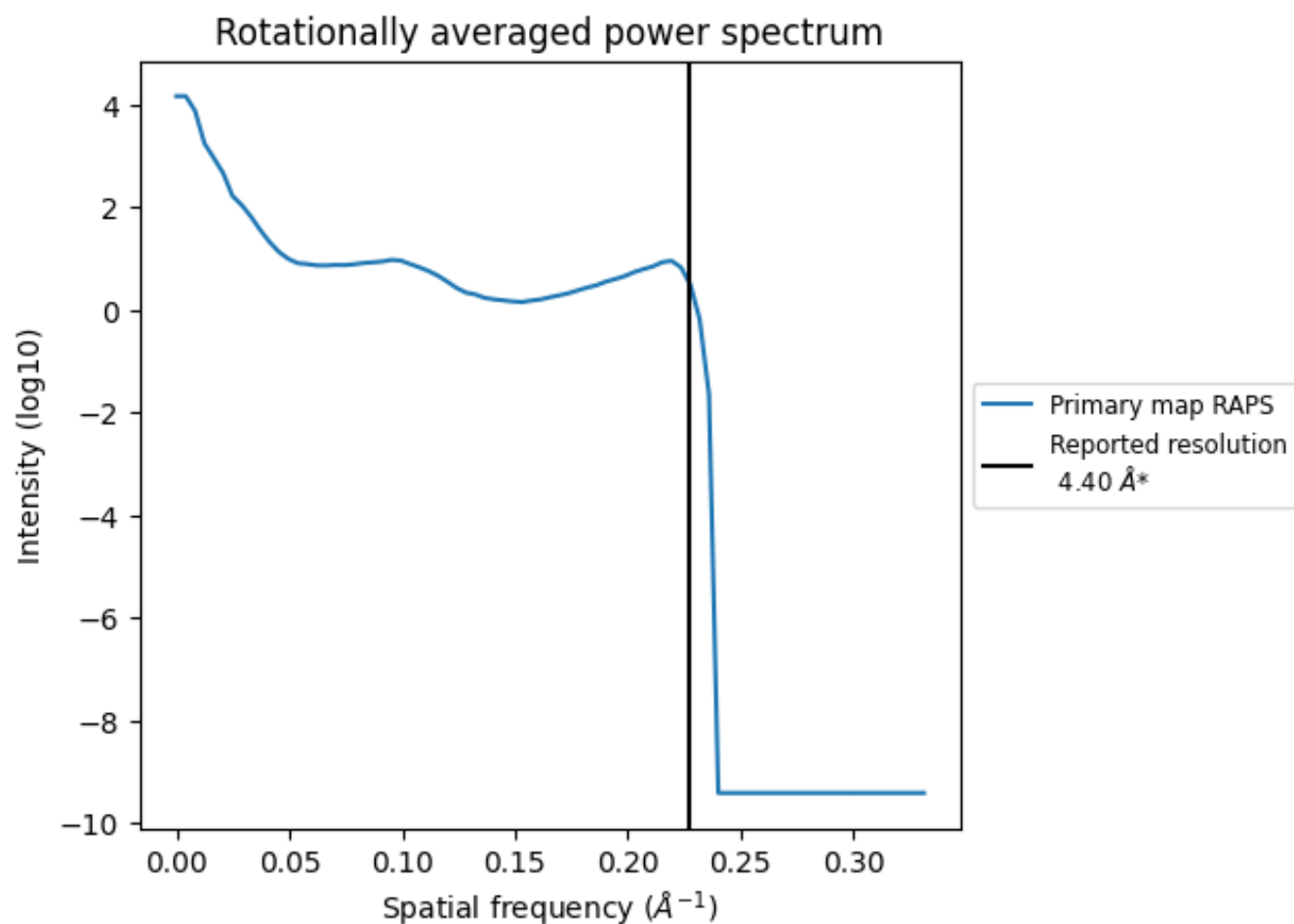
7.2 Volume estimate [i](#)



The volume at the recommended contour level is 219 nm³; this corresponds to an approximate mass of 197 kDa.

The volume estimate graph shows how the enclosed volume varies with the contour level. The recommended contour level is shown as a vertical line and the intersection between the line and the curve gives the volume of the enclosed surface at the given level.

7.3 Rotationally averaged power spectrum ⓘ



*Reported resolution corresponds to spatial frequency of 0.227 $\text{\AA}^{-1}$

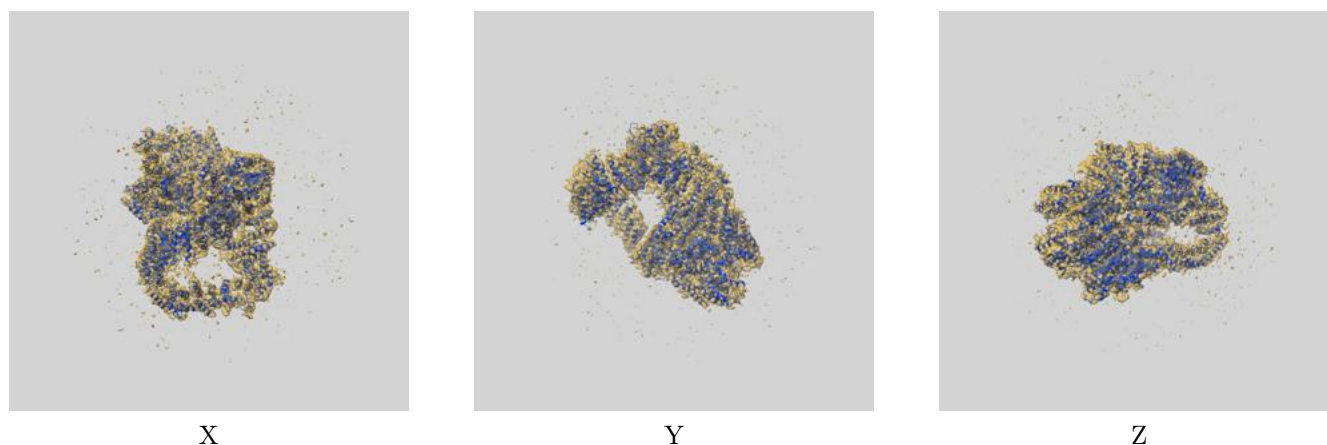
8 Fourier-Shell correlation

This section was not generated. No FSC curve or half-maps provided.

9 Map-model fit [i](#)

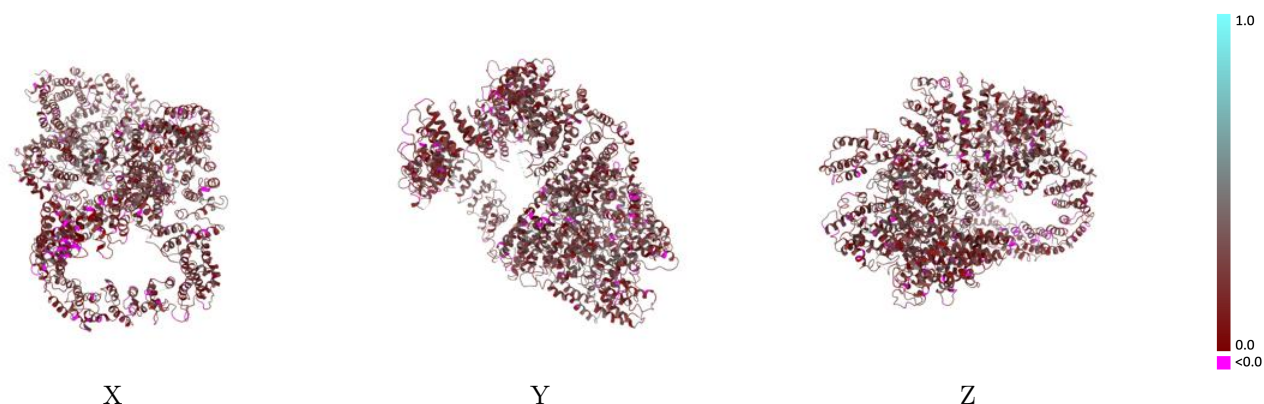
This section contains information regarding the fit between EMDB map EMD-8751 and PDB model 5W1R. Per-residue inclusion information can be found in [section 3](#) on [page 4](#).

9.1 Map-model overlay [i](#)



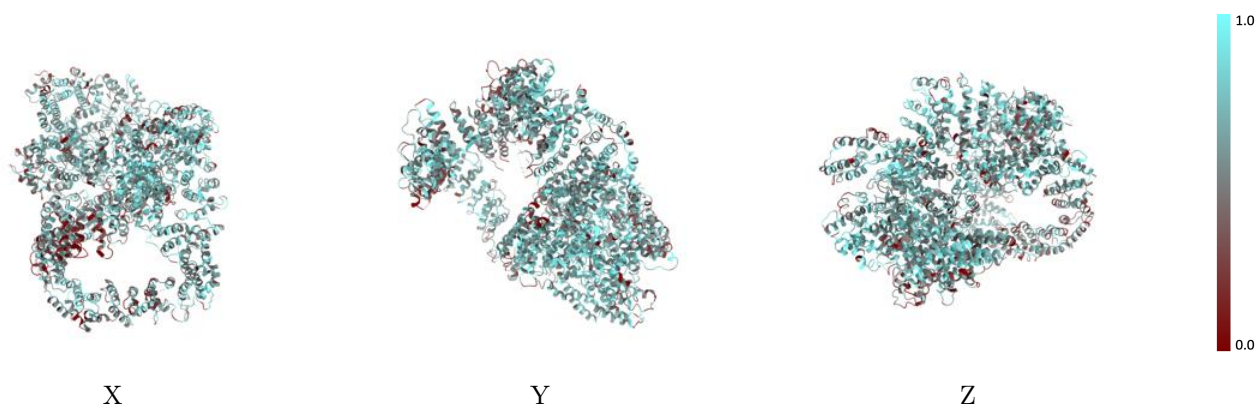
The images above show the 3D surface view of the map at the recommended contour level 0.016 at 50% transparency in yellow overlaid with a ribbon representation of the model coloured in blue. These images allow for the visual assessment of the quality of fit between the atomic model and the map.

9.2 Q-score mapped to coordinate model [i](#)



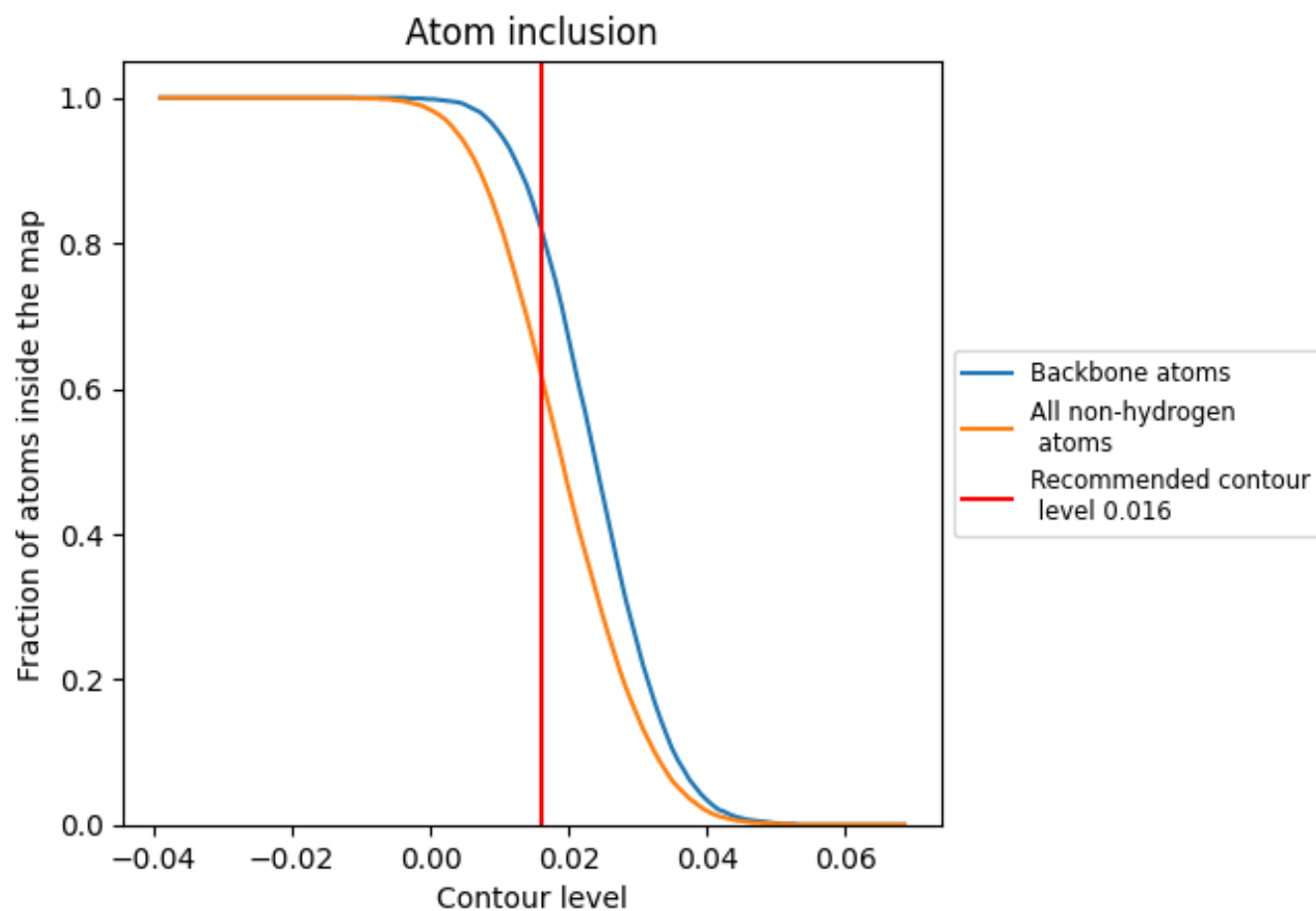
The images above show the model with each residue coloured according to its Q-score. This shows their resolvability in the map with higher Q-score values reflecting better resolvability. Please note: Q-score is calculating the resolvability of atoms, and thus high values are only expected at resolutions at which atoms can be resolved. Low Q-score values may therefore be expected for many entries.

9.3 Atom inclusion mapped to coordinate model [i](#)



The images above show the model with each residue coloured according to its atom inclusion. This shows to what extent they are inside the map at the recommended contour level (0.016).

9.4 Atom inclusion [i](#)



At the recommended contour level, 82% of all backbone atoms, 62% of all non-hydrogen atoms, are inside the map.

9.5 Map-model fit summary ⓘ

The table lists the average atom inclusion at the recommended contour level (0.016) and Q-score for the entire model and for each chain.

Chain	Atom inclusion	Q-score
All	0.6210	0.2350
A	0.6210	0.2350

