



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Mar 5, 2026 – 09:54 PM UTC

PDB ID : 1XAX / pdb_00001xax
Title : NMR structure of HI0004, a putative essential gene product from Haemophilus influenzae
Authors : Yeh, D.C.; Parsons, J.F.; Parsons, L.M.; Liu, F.; Eisenstein, E.; Orban, J.; Structure 2 Function Project (S2F)
Deposited on : 2004-08-26

This is a Full wwPDB NMR Structure Validation Report for a publicly released PDB entry.

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

A user guide is available at

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

with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

The types of validation reports are described at

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

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

MolProbity	:	4-5-2 with Phenix2.0
Percentile statistics	:	20250101.v01 (using entries in the PDB archive January 1st 2025)
wwPDB-RCI	:	v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV	:	Wang et al. (2010)
wwPDB-ShiftChecker	:	v1.2
Ideal geometry (proteins)	:	Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA)	:	Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP)	:	2.49

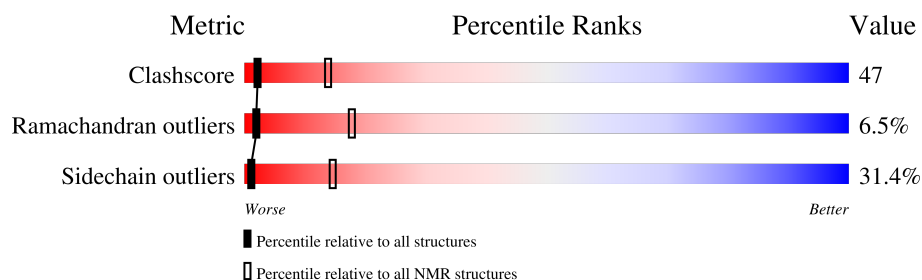
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

SOLUTION NMR

The overall completeness of chemical shifts assignment was not calculated.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	NMR archive (#Entries)
Clashscore	229148	14424
Ramachandran outliers	224038	12848
Sidechain outliers	223484	12823

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the experimental data. The red, orange, yellow and green segments indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 3 , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria. A cyan segment indicates the fraction of residues that are not part of the well-defined cores, and a grey segment represents the fraction of residues that are not modelled. The numeric value for each fraction is indicated below the corresponding segment, with a dot representing fractions $\leq 5\%$

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	154	25% 56% 12% 6%

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. Model 9 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *fewest violations*.

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

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:3-A:146 (144)	1.20	9

Ill-defined regions of proteins are excluded from the global statistics.

Ligands and non-protein polymers are included in the analysis.

The models can be grouped into 3 clusters and 13 single-model clusters were found.

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

3 Entry composition [i](#)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 1947 atoms, of which 810 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Hypothetical UPF0054 protein HI0004.

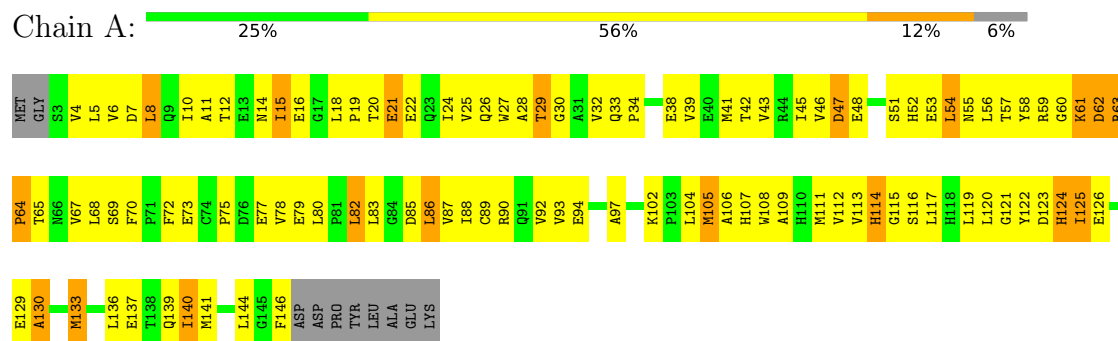
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	144	Total	C	H	N	O	S	0
			1947	710	810	187	233	7	

4 Residue-property plots

4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

These plots are provided for all protein, RNA, DNA and oligosaccharide chains in the entry. The first graphic is the same as shown in the summary in section 1 of this report. The second graphic shows the sequence where residues are colour-coded according to the number of geometric quality criteria for which they contain at least one outlier: green = 0, yellow = 1, orange = 2 and red = 3 or more. Stretches of 2 or more consecutive residues without any outliers are shown as green connectors. Residues which are classified as ill-defined in the NMR ensemble, are shown in cyan with an underline colour-coded according to the previous scheme. Residues which were present in the experimental sample, but not modelled in the final structure are shown in grey.

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004

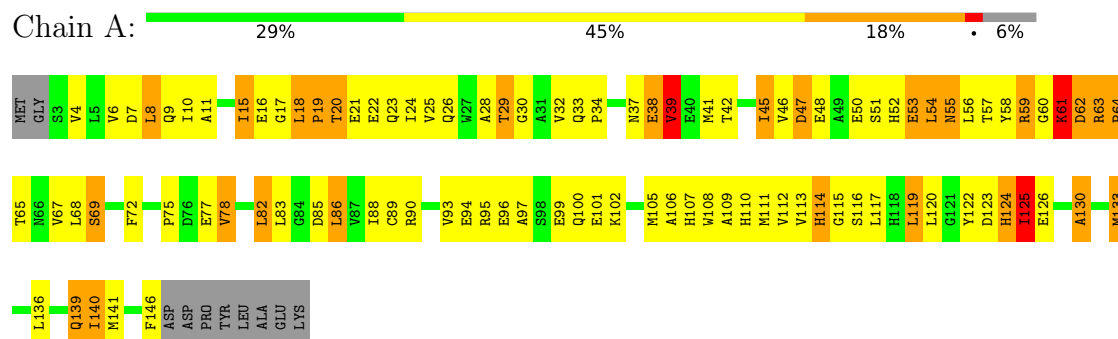


4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

4.2.1 Score per residue for model 1

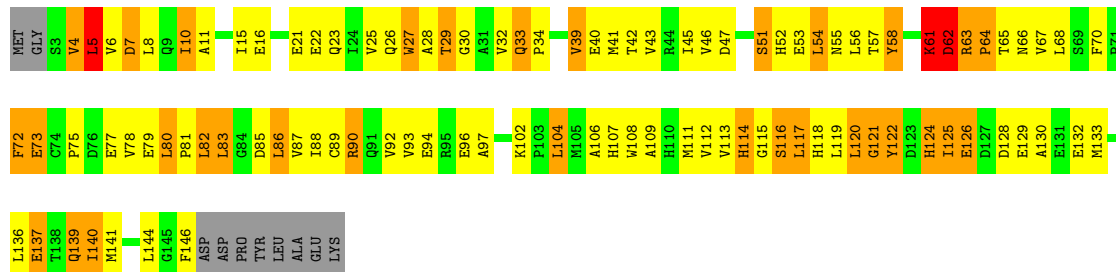
- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004

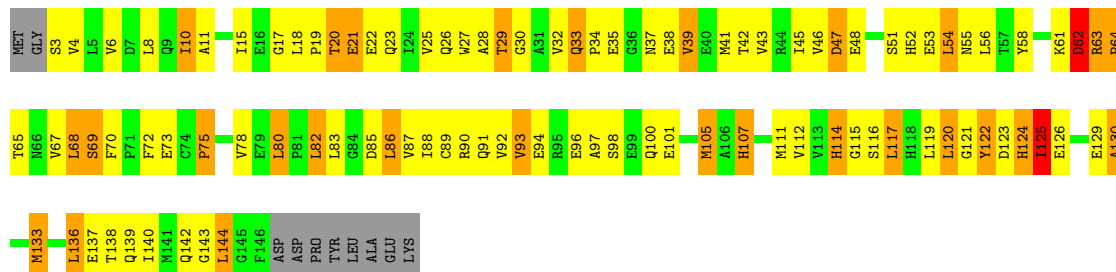
Chain A: 29% 42% 21% 6%



4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004

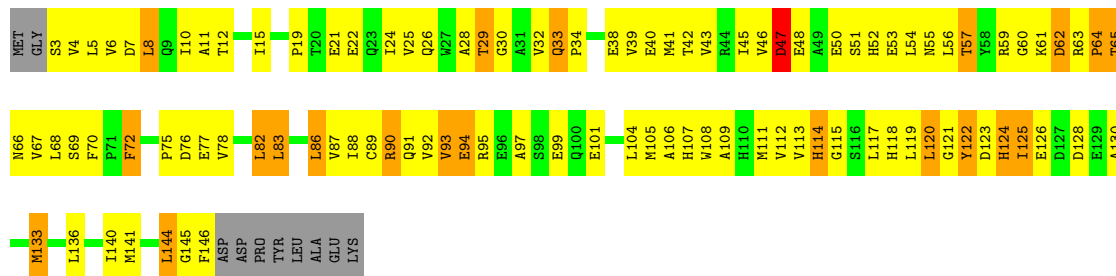
Chain A: 29% 45% 18% 6%



4.2.4 Score per residue for model 4

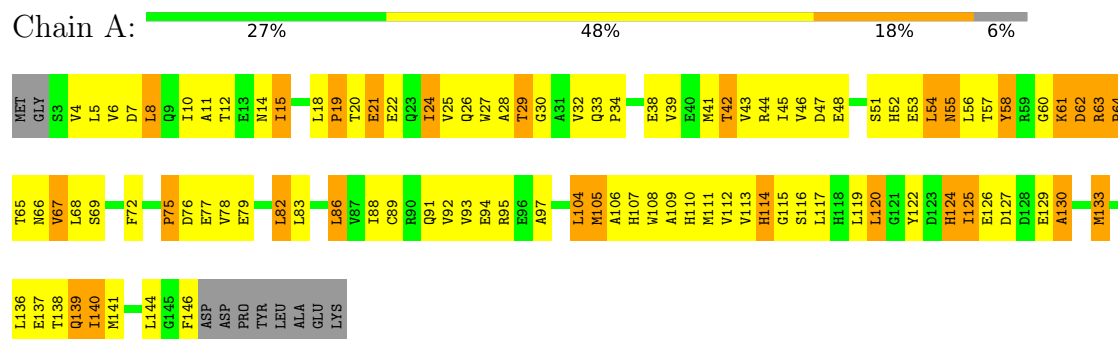
- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004

Chain A: 27% 52% 14% 6%



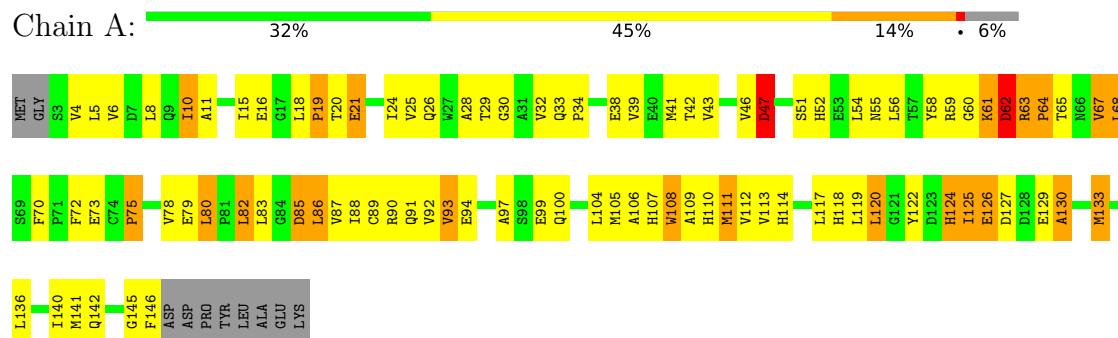
4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



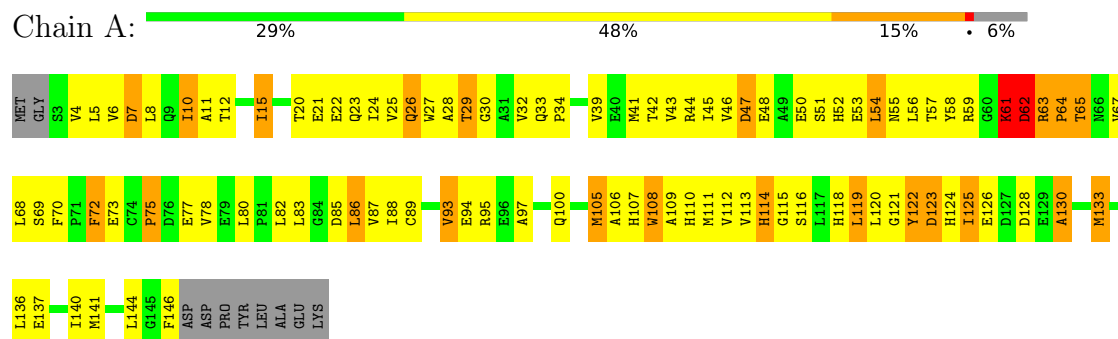
4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004

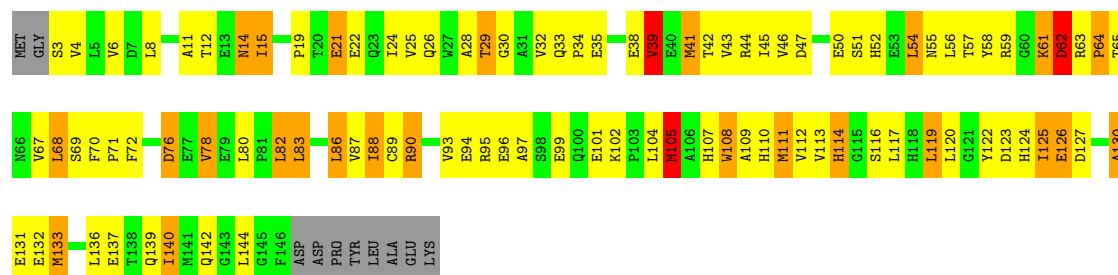
Chain A: 33% 44% 16% 6%



4.2.9 Score per residue for model 9 (medoid)

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004

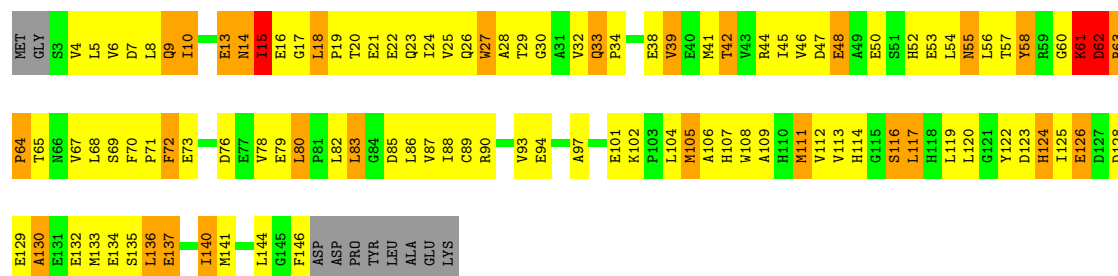
Chain A: 30% 45% 16% 6%



4.2.10 Score per residue for model 10

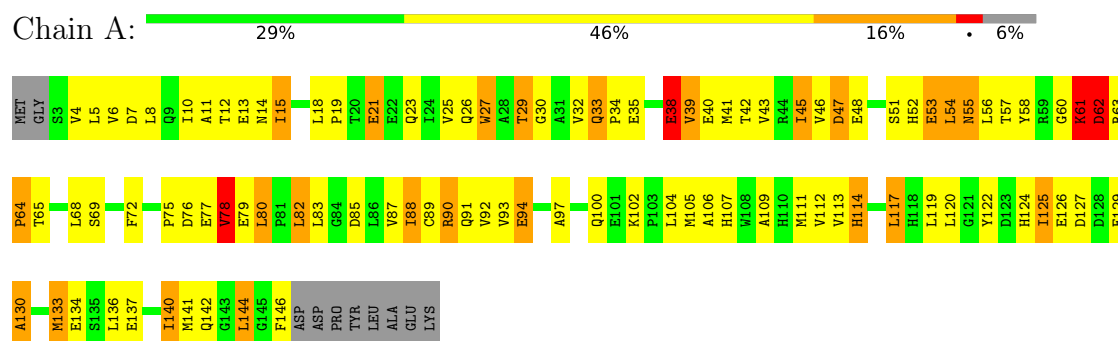
- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004

Chain A: 24% 50% 18% 6%



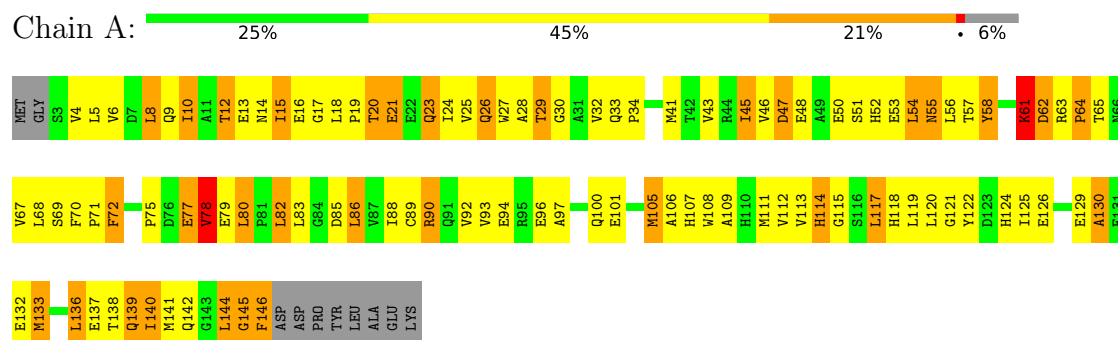
4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



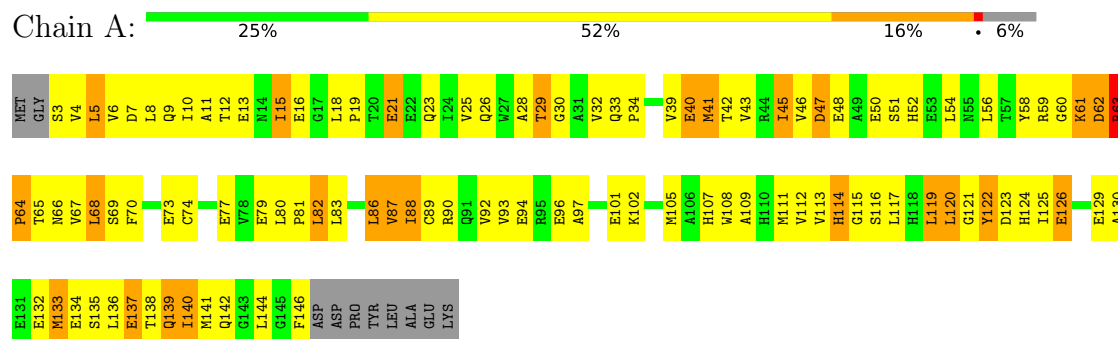
4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



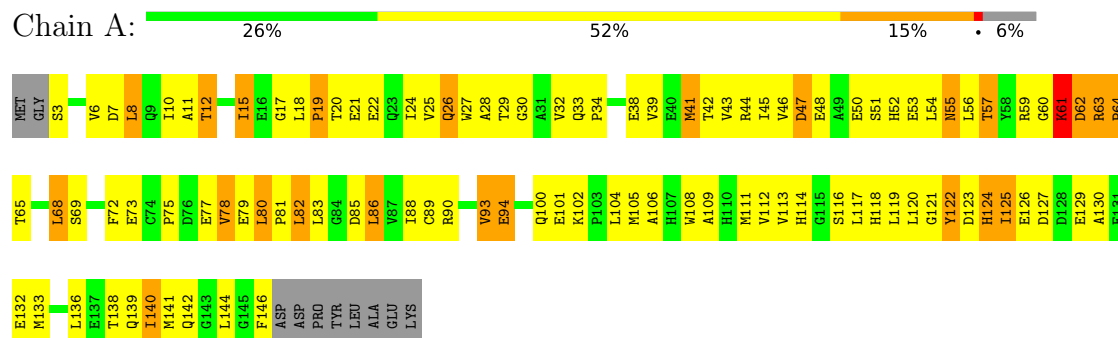
4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



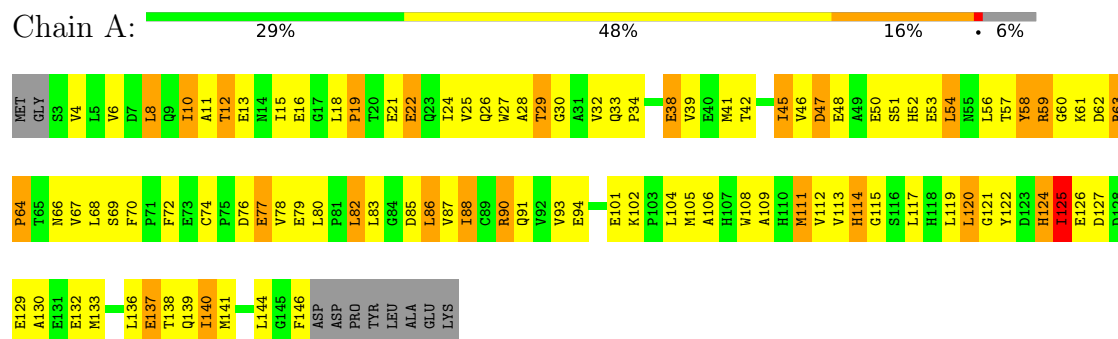
4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



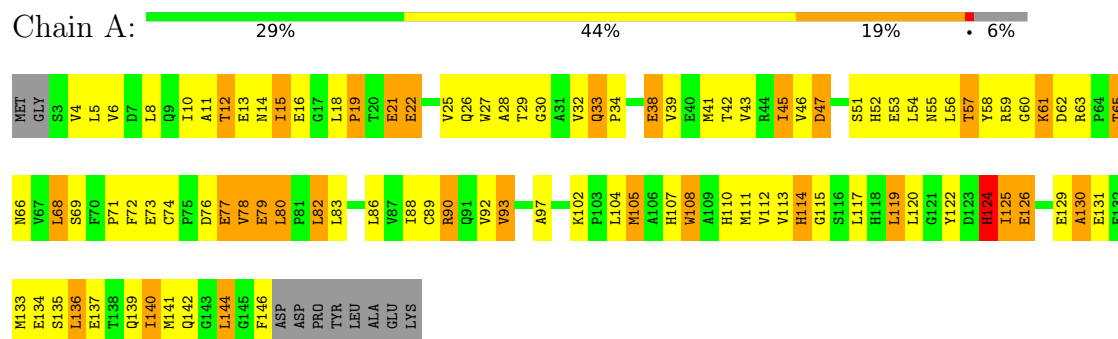
4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



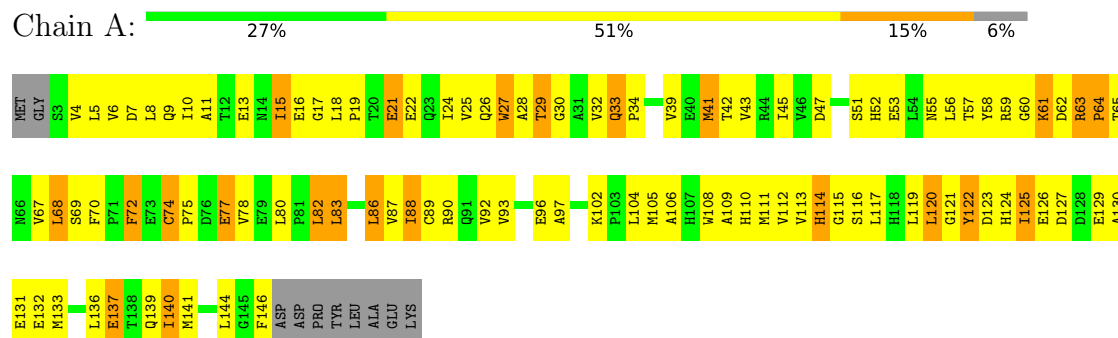
4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



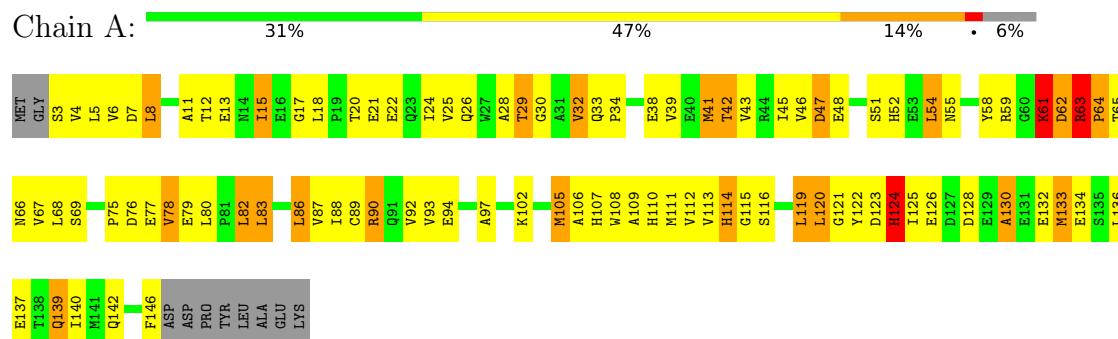
4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



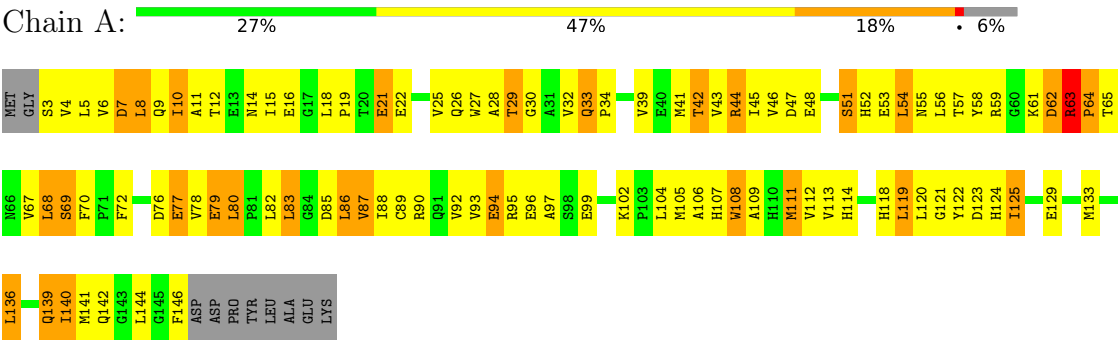
4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: Hypothetical UPF0054 protein HI0004



5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *distance geometry, simulated annealing, torsion angle dynamics*.

Of the 100 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *structures with the least restraint violations*.

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

Software name	Classification	Version
CNS	structure solution	1.1
CNS	refinement	1.1

No chemical shift data was provided.

6 Model quality

6.1 Standard geometry

There are no covalent bond-length or bond-angle outliers.

There are no bond-length outliers.

There are no bond-angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

6.2 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 each chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogen atoms added and optimized by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes averaged over the ensemble.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes
1	A	1137	810	1084	104±18
All	All	22740	16200	21680	2076

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 47.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:86:LEU:HD23	1:A:88:ILE:HD11	1.14	1.16	1	2
1:A:6:VAL:HG11	1:A:29:THR:HG21	1.09	1.24	14	6
1:A:10:ILE:HG21	1:A:18:LEU:HD21	1.01	1.31	17	2
1:A:5:LEU:HA	1:A:40:GLU:HA	0.99	1.35	2	1
1:A:6:VAL:HG11	1:A:25:VAL:HG13	0.98	1.36	2	5
1:A:86:LEU:HD22	1:A:88:ILE:HD11	0.95	1.34	9	6
1:A:111:MET:HE3	1:A:114:HIS:CD2	0.95	1.97	3	1
1:A:4:VAL:HG23	1:A:39:VAL:HG23	0.94	1.38	1	9
1:A:43:VAL:HG11	1:A:112:VAL:HG12	0.92	1.38	3	5
1:A:32:VAL:HG21	1:A:136:LEU:HD22	0.92	1.42	8	7
1:A:78:VAL:HG23	1:A:80:LEU:HD21	0.91	1.41	20	2
1:A:32:VAL:HG11	1:A:136:LEU:HD13	0.89	1.39	12	1
1:A:27:TRP:CZ2	1:A:144:LEU:HD13	0.89	2.03	17	2
1:A:6:VAL:HG13	1:A:25:VAL:HG13	0.88	1.42	12	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:LEU:HD22	1:A:24:ILE:HD13	0.88	1.43	5	1
1:A:86:LEU:CD2	1:A:88:ILE:HD11	0.85	2.02	1	2
1:A:56:LEU:HD11	1:A:62:ASP:O	0.84	1.71	12	10
1:A:78:VAL:CG2	1:A:80:LEU:HD11	0.84	2.01	17	2
1:A:79:GLU:C	1:A:80:LEU:HD13	0.84	1.98	20	4
1:A:54:LEU:HD12	1:A:58:TYR:CE2	0.84	2.08	11	2
1:A:6:VAL:HB	1:A:29:THR:HG21	0.84	1.50	2	3
1:A:65:THR:HG21	1:A:68:LEU:HB2	0.83	1.49	9	9
1:A:27:TRP:CZ2	1:A:144:LEU:HD21	0.83	2.09	3	1
1:A:54:LEU:HD11	1:A:58:TYR:CZ	0.83	2.09	13	2
1:A:86:LEU:HD23	1:A:88:ILE:CD1	0.82	2.04	1	4
1:A:104:LEU:HD12	1:A:108:TRP:CZ2	0.82	2.09	5	2
1:A:93:VAL:HG11	1:A:111:MET:HE2	0.81	1.49	14	10
1:A:10:ILE:HD12	1:A:19:PRO:CD	0.81	2.06	3	4
1:A:106:ALA:HB1	1:A:146:PHE:CD2	0.81	2.09	12	3
1:A:6:VAL:HG11	1:A:29:THR:CB	0.81	2.06	12	3
1:A:69:SER:OG	1:A:119:LEU:HD22	0.80	1.77	12	4
1:A:104:LEU:HD12	1:A:108:TRP:CH2	0.80	2.12	2	1
1:A:41:MET:CG	1:A:83:LEU:HD13	0.80	2.06	20	2
1:A:32:VAL:HG21	1:A:140:ILE:HG12	0.79	1.53	17	4
1:A:43:VAL:HG13	1:A:88:ILE:HD11	0.79	1.53	18	1
1:A:108:TRP:O	1:A:112:VAL:HG23	0.79	1.78	8	4
1:A:12:THR:OG1	1:A:15:ILE:HD12	0.79	1.78	5	1
1:A:6:VAL:CG1	1:A:25:VAL:HG13	0.79	2.08	7	10
1:A:93:VAL:HG22	1:A:107:HIS:CE1	0.79	2.12	8	1
1:A:4:VAL:HG23	1:A:39:VAL:CG2	0.78	2.08	19	10
1:A:20:THR:O	1:A:24:ILE:HD12	0.78	1.78	12	5
1:A:120:LEU:HD22	1:A:121:GLY:N	0.78	1.93	2	1
1:A:108:TRP:O	1:A:112:VAL:HG22	0.78	1.79	12	6
1:A:67:VAL:HG11	1:A:114:HIS:CE1	0.78	2.14	4	6
1:A:111:MET:O	1:A:111:MET:HE2	0.78	1.79	9	3
1:A:15:ILE:HD11	1:A:18:LEU:HD13	0.78	1.53	15	2
1:A:82:LEU:O	1:A:82:LEU:HD13	0.78	1.78	18	5
1:A:97:ALA:HB2	1:A:107:HIS:CD2	0.78	2.13	10	11
1:A:78:VAL:O	1:A:125:ILE:HD12	0.77	1.80	2	1
1:A:55:ASN:ND2	1:A:68:LEU:HD22	0.77	1.94	5	9
1:A:82:LEU:HD12	1:A:82:LEU:O	0.77	1.80	10	7
1:A:86:LEU:HD22	1:A:88:ILE:HD12	0.76	1.54	16	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:8:LEU:O	0.76	1.80	19	3
1:A:106:ALA:HB1	1:A:146:PHE:CD1	0.76	2.16	10	6
1:A:79:GLU:C	1:A:80:LEU:HD22	0.76	2.04	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:56:LEU:HD21	1:A:62:ASP:CG	0.76	2.06	18	2
1:A:65:THR:HG21	1:A:68:LEU:CB	0.75	2.10	20	2
1:A:27:TRP:CZ2	1:A:144:LEU:HD11	0.75	2.17	15	1
1:A:17:GLY:C	1:A:18:LEU:HD22	0.75	2.05	18	1
1:A:10:ILE:HD13	1:A:19:PRO:HG2	0.75	1.58	14	1
1:A:89:CYS:O	1:A:93:VAL:HG22	0.75	1.81	18	3
1:A:119:LEU:HD22	1:A:119:LEU:O	0.75	1.81	7	5
1:A:51:SER:OG	1:A:87:VAL:HG11	0.75	1.82	11	1
1:A:63:ARG:CB	1:A:64:PRO:HD2	0.74	2.12	2	18
1:A:61:LYS:HD3	1:A:68:LEU:HD11	0.74	1.59	2	4
1:A:97:ALA:HB2	1:A:107:HIS:CE1	0.74	2.16	19	9
1:A:93:VAL:HG21	1:A:111:MET:CG	0.74	2.12	8	1
1:A:6:VAL:HG11	1:A:29:THR:CG2	0.74	2.07	14	3
1:A:54:LEU:HD13	1:A:55:ASN:N	0.74	1.97	20	5
1:A:6:VAL:CG2	1:A:25:VAL:HG13	0.74	2.12	17	5
1:A:14:ASN:O	1:A:15:ILE:HD12	0.74	1.81	9	1
1:A:97:ALA:HB2	1:A:107:HIS:CG	0.74	2.18	1	10
1:A:86:LEU:HD22	1:A:88:ILE:HG13	0.74	1.60	7	3
1:A:126:GLU:O	1:A:130:ALA:HB3	0.74	1.83	13	1
1:A:19:PRO:HD3	1:A:108:TRP:CZ2	0.74	2.17	5	1
1:A:5:LEU:HD21	1:A:136:LEU:HD21	0.74	1.58	2	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:43:VAL:CG2	0.74	2.13	12	1
1:A:13:GLU:O	1:A:14:ASN:O	0.73	2.07	10	1
1:A:119:LEU:HD13	1:A:119:LEU:O	0.73	1.82	15	1
1:A:32:VAL:CG2	1:A:140:ILE:HG23	0.73	2.13	12	2
1:A:78:VAL:HG23	1:A:80:LEU:HD23	0.73	1.60	16	1
1:A:83:LEU:HD21	1:A:133:MET:CE	0.73	2.13	12	1
1:A:39:VAL:HG12	1:A:81:PRO:HB3	0.73	1.60	14	1
1:A:11:ALA:HB3	1:A:46:VAL:HB	0.73	1.61	20	10
1:A:82:LEU:C	1:A:83:LEU:HD22	0.73	2.09	14	6
1:A:32:VAL:HG23	1:A:139:GLN:HB3	0.72	1.58	14	9
1:A:86:LEU:HD23	1:A:88:ILE:HD12	0.72	1.60	18	1
1:A:5:LEU:HD21	1:A:136:LEU:CD2	0.72	2.14	2	1
1:A:86:LEU:HD11	1:A:116:SER:N	0.72	1.99	3	3
1:A:86:LEU:HD11	1:A:115:GLY:C	0.72	2.10	18	4
1:A:10:ILE:HD12	1:A:19:PRO:HD2	0.72	1.62	11	1
1:A:140:ILE:O	1:A:144:LEU:HD13	0.71	1.85	2	5
1:A:70:PHE:CZ	1:A:87:VAL:HG21	0.71	2.19	18	3
1:A:93:VAL:HG21	1:A:111:MET:HG3	0.71	1.61	8	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:43:VAL:CG1	0.71	2.15	15	2
1:A:10:ILE:CG2	1:A:18:LEU:HD21	0.71	2.15	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:39:VAL:HG21	1:A:136:LEU:HG	0.70	1.63	3	2
1:A:67:VAL:HG12	1:A:88:ILE:CD1	0.70	2.16	5	1
1:A:119:LEU:HD12	1:A:120:LEU:HD23	0.70	1.62	6	1
1:A:105:MET:HE2	1:A:105:MET:HA	0.70	1.64	4	5
1:A:83:LEU:HD22	1:A:83:LEU:O	0.70	1.86	2	1
1:A:83:LEU:HD11	1:A:133:MET:HE3	0.70	1.62	11	2
1:A:126:GLU:HA	1:A:130:ALA:HB2	0.70	1.62	2	16
1:A:46:VAL:HG13	1:A:51:SER:HB2	0.70	1.63	9	5
1:A:52:HIS:O	1:A:56:LEU:HD12	0.70	1.86	17	2
1:A:6:VAL:CB	1:A:29:THR:HG21	0.70	2.17	12	2
1:A:67:VAL:HG13	1:A:88:ILE:HG12	0.70	1.62	12	3
1:A:7:ASP:HB3	1:A:42:THR:HG23	0.69	1.63	5	2
1:A:86:LEU:HD13	1:A:116:SER:OG	0.69	1.87	5	1
1:A:69:SER:HB3	1:A:119:LEU:HD22	0.69	1.64	5	2
1:A:97:ALA:HB1	1:A:104:LEU:HD21	0.69	1.63	13	1
1:A:6:VAL:HG12	1:A:41:MET:HB3	0.69	1.62	6	3
1:A:46:VAL:HG13	1:A:51:SER:HB3	0.69	1.63	6	5
1:A:32:VAL:HG23	1:A:139:GLN:CB	0.69	2.17	14	4
1:A:124:HIS:HB3	1:A:125:ILE:HD13	0.68	1.64	4	2
1:A:43:VAL:HG11	1:A:112:VAL:CG1	0.68	2.19	12	1
1:A:78:VAL:HB	1:A:80:LEU:HD11	0.68	1.64	2	2
1:A:117:LEU:HD12	1:A:133:MET:HE1	0.68	1.64	5	2
1:A:61:LYS:HG2	1:A:68:LEU:HD11	0.68	1.66	8	5
1:A:86:LEU:HD22	1:A:88:ILE:CD1	0.68	2.19	15	8
1:A:125:ILE:O	1:A:130:ALA:HB2	0.68	1.88	9	8
1:A:86:LEU:HD12	1:A:116:SER:OG	0.68	1.87	10	2
1:A:78:VAL:HG23	1:A:80:LEU:HD11	0.68	1.65	17	1
1:A:66:ASN:OD1	1:A:92:VAL:HG21	0.68	1.88	17	1
1:A:5:LEU:HA	1:A:40:GLU:CA	0.67	2.17	2	1
1:A:111:MET:HE3	1:A:114:HIS:NE2	0.67	2.03	3	1
1:A:4:VAL:HG13	1:A:33:GLN:NE2	0.67	2.04	7	1
1:A:117:LEU:HB3	1:A:122:TYR:CE1	0.67	2.25	2	1
1:A:88:ILE:HD13	1:A:111:MET:HE3	0.67	1.67	7	1
1:A:18:LEU:HD22	1:A:19:PRO:HD2	0.67	1.66	13	3
1:A:65:THR:HG21	1:A:68:LEU:HB3	0.67	1.64	3	1
1:A:88:ILE:HG12	1:A:111:MET:HE1	0.67	1.67	9	3
1:A:10:ILE:HD12	1:A:15:ILE:HD11	0.67	1.65	13	1
1:A:67:VAL:HG13	1:A:88:ILE:CG1	0.67	2.20	12	2
1:A:28:ALA:C	1:A:140:ILE:HG23	0.67	2.14	8	2
1:A:104:LEU:HD22	1:A:108:TRP:CZ3	0.67	2.24	9	6
1:A:24:ILE:HD13	1:A:108:TRP:CE3	0.67	2.24	18	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:83:LEU:HD21	1:A:133:MET:HE1	0.67	1.67	19	1
1:A:12:THR:HG23	1:A:15:ILE:HD11	0.67	1.66	20	1
1:A:10:ILE:HA	1:A:45:ILE:HG23	0.67	1.64	17	3
1:A:32:VAL:HG13	1:A:139:GLN:HB3	0.67	1.66	2	2
1:A:52:HIS:O	1:A:56:LEU:HD13	0.67	1.89	20	6
1:A:123:ASP:HB2	1:A:133:MET:HE3	0.67	1.66	9	1
1:A:38:GLU:O	1:A:39:VAL:HG13	0.66	1.90	8	12
1:A:125:ILE:HD11	1:A:129:GLU:CB	0.66	2.20	11	6
1:A:45:ILE:HD13	1:A:108:TRP:CH2	0.66	2.26	1	1
1:A:122:TYR:HA	1:A:133:MET:HE3	0.66	1.68	18	2
1:A:43:VAL:HG21	1:A:112:VAL:HG12	0.66	1.66	15	4
1:A:41:MET:HE2	1:A:122:TYR:OH	0.66	1.89	15	2
1:A:88:ILE:HD13	1:A:111:MET:SD	0.66	2.30	6	3
1:A:8:LEU:N	1:A:8:LEU:HD13	0.66	2.05	16	2
1:A:117:LEU:HD12	1:A:122:TYR:HB2	0.66	1.66	15	3
1:A:80:LEU:HD22	1:A:80:LEU:N	0.66	2.06	20	2
1:A:54:LEU:O	1:A:57:THR:HG22	0.66	1.90	1	5
1:A:15:ILE:N	1:A:15:ILE:HD13	0.66	2.06	5	1
1:A:125:ILE:HD11	1:A:129:GLU:HB3	0.66	1.66	13	4
1:A:4:VAL:HG21	1:A:29:THR:HG22	0.66	1.67	13	2
1:A:10:ILE:HD13	1:A:18:LEU:HG	0.66	1.65	5	2
1:A:6:VAL:HG23	1:A:41:MET:O	0.66	1.91	12	2
1:A:120:LEU:HD12	1:A:121:GLY:N	0.66	2.05	20	3
1:A:8:LEU:HD13	1:A:43:VAL:CG1	0.66	2.20	11	1
1:A:10:ILE:HB	1:A:18:LEU:HD23	0.66	1.68	13	1
1:A:79:GLU:HA	1:A:125:ILE:HD11	0.66	1.67	14	1
1:A:93:VAL:HG11	1:A:111:MET:HG3	0.66	1.67	20	1
1:A:124:HIS:CD2	1:A:125:ILE:HD13	0.66	2.25	13	1
1:A:51:SER:OG	1:A:68:LEU:HD22	0.66	1.91	17	1
1:A:52:HIS:CD2	1:A:68:LEU:HD21	0.66	2.26	18	1
1:A:41:MET:HG3	1:A:83:LEU:HD13	0.66	1.66	20	3
1:A:93:VAL:HG11	1:A:111:MET:SD	0.65	2.31	9	1
1:A:41:MET:CG	1:A:83:LEU:HD23	0.65	2.22	11	1
1:A:88:ILE:CD1	1:A:111:MET:HE1	0.65	2.21	13	1
1:A:10:ILE:HD13	1:A:19:PRO:HG3	0.65	1.69	1	1
1:A:41:MET:HB2	1:A:83:LEU:HD12	0.65	1.68	5	1
1:A:78:VAL:O	1:A:125:ILE:HG21	0.65	1.91	18	3
1:A:39:VAL:HG13	1:A:81:PRO:C	0.65	2.16	2	1
1:A:54:LEU:HD13	1:A:54:LEU:C	0.65	2.17	2	5
1:A:117:LEU:HD12	1:A:117:LEU:N	0.65	2.06	2	1
1:A:54:LEU:C	1:A:54:LEU:HD13	0.65	2.17	5	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:83:LEU:HD21	1:A:133:MET:HE3	0.65	1.69	12	2
1:A:10:ILE:CD1	1:A:15:ILE:HD11	0.65	2.22	13	1
1:A:88:ILE:HD13	1:A:111:MET:CE	0.64	2.22	7	2
1:A:19:PRO:HB2	1:A:24:ILE:HD11	0.64	1.69	12	1
1:A:61:LYS:HD3	1:A:68:LEU:HD21	0.64	1.67	1	3
1:A:69:SER:HB3	1:A:86:LEU:HD12	0.64	1.67	1	2
1:A:5:LEU:HD11	1:A:136:LEU:HG	0.64	1.69	2	1
1:A:79:GLU:C	1:A:80:LEU:HD23	0.64	2.18	13	3
1:A:6:VAL:CG1	1:A:29:THR:HG21	0.64	2.21	18	7
1:A:4:VAL:HG11	1:A:33:GLN:NE2	0.64	2.07	11	1
1:A:6:VAL:HG21	1:A:25:VAL:HG13	0.64	1.69	6	4
1:A:109:ALA:C	1:A:141:MET:HE1	0.64	2.18	20	8
1:A:88:ILE:HG12	1:A:111:MET:HE3	0.64	1.68	20	1
1:A:78:VAL:CG1	1:A:80:LEU:HD21	0.64	2.23	11	1
1:A:138:THR:HG23	1:A:142:GLN:OE1	0.63	1.93	15	1
1:A:120:LEU:HD22	1:A:121:GLY:H	0.63	1.50	2	1
1:A:4:VAL:HG22	1:A:6:VAL:HG13	0.63	1.69	14	1
1:A:46:VAL:HG13	1:A:51:SER:OG	0.63	1.93	13	2
1:A:66:ASN:ND2	1:A:67:VAL:HG13	0.63	2.08	13	2
1:A:8:LEU:HD12	1:A:8:LEU:O	0.63	1.93	18	3
1:A:38:GLU:C	1:A:39:VAL:HG22	0.63	2.18	1	3
1:A:63:ARG:O	1:A:65:THR:N	0.63	2.31	7	17
1:A:113:VAL:HG21	1:A:141:MET:SD	0.63	2.34	5	4
1:A:26:GLN:O	1:A:30:GLY:HA3	0.63	1.94	3	20
1:A:8:LEU:CD2	1:A:24:ILE:HD13	0.63	2.20	5	1
1:A:97:ALA:HB2	1:A:107:HIS:NE2	0.63	2.09	12	5
1:A:63:ARG:CB	1:A:64:PRO:CD	0.63	2.77	14	14
1:A:67:VAL:HG21	1:A:114:HIS:NE2	0.63	2.08	1	1
1:A:6:VAL:HG11	1:A:29:THR:HB	0.63	1.71	12	1
1:A:63:ARG:HB3	1:A:64:PRO:HD2	0.62	1.69	13	15
1:A:6:VAL:HG13	1:A:25:VAL:CG1	0.62	2.22	12	1
1:A:72:PHE:CE2	1:A:82:LEU:HD13	0.62	2.28	20	1
1:A:32:VAL:HG21	1:A:140:ILE:CG1	0.62	2.24	15	4
1:A:32:VAL:HG22	1:A:139:GLN:HG2	0.62	1.71	17	2
1:A:4:VAL:CG2	1:A:39:VAL:HG23	0.62	2.22	1	1
1:A:119:LEU:C	1:A:119:LEU:HD13	0.62	2.20	8	6
1:A:28:ALA:HB1	1:A:140:ILE:HG22	0.62	1.70	17	1
1:A:83:LEU:O	1:A:120:LEU:HD22	0.62	1.95	19	1
1:A:6:VAL:HG11	1:A:29:THR:OG1	0.62	1.94	7	2
1:A:81:PRO:O	1:A:82:LEU:O	0.62	2.17	13	1
1:A:119:LEU:HD23	1:A:120:LEU:HD12	0.62	1.72	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:63:ARG:CG	1:A:64:PRO:HD2	0.62	2.24	13	5
1:A:120:LEU:HD22	1:A:120:LEU:O	0.62	1.94	5	1
1:A:55:ASN:CG	1:A:68:LEU:HD22	0.62	2.19	6	1
1:A:69:SER:HB2	1:A:119:LEU:HD22	0.62	1.72	14	1
1:A:106:ALA:HB1	1:A:146:PHE:CE2	0.61	2.30	2	4
1:A:82:LEU:HD22	1:A:82:LEU:C	0.61	2.20	12	6
1:A:43:VAL:CG1	1:A:88:ILE:HD11	0.61	2.25	18	1
1:A:27:TRP:CH2	1:A:144:LEU:HD23	0.61	2.31	2	1
1:A:109:ALA:O	1:A:113:VAL:HG22	0.61	1.95	9	1
1:A:4:VAL:HG23	1:A:39:VAL:HB	0.61	1.73	16	1
1:A:113:VAL:HA	1:A:117:LEU:HD13	0.61	1.72	2	1
1:A:111:MET:HE2	1:A:114:HIS:CD2	0.61	2.30	13	1
1:A:39:VAL:CG1	1:A:136:LEU:HD22	0.61	2.24	11	1
1:A:41:MET:HG3	1:A:83:LEU:HD23	0.61	1.72	11	1
1:A:70:PHE:CE2	1:A:87:VAL:HG21	0.61	2.31	6	5
1:A:79:GLU:HA	1:A:125:ILE:HD13	0.61	1.71	16	4
1:A:4:VAL:HG11	1:A:33:GLN:HB3	0.60	1.72	9	1
1:A:79:GLU:HB3	1:A:125:ILE:HG23	0.60	1.72	15	1
1:A:71:PRO:HB3	1:A:120:LEU:HD22	0.60	1.70	10	4
1:A:10:ILE:CG2	1:A:18:LEU:HD22	0.60	2.27	16	1
1:A:39:VAL:HG12	1:A:81:PRO:CB	0.60	2.25	14	1
1:A:120:LEU:HD22	1:A:120:LEU:C	0.60	2.21	5	1
1:A:8:LEU:HD13	1:A:43:VAL:HG11	0.60	1.71	11	1
1:A:32:VAL:HG22	1:A:140:ILE:HG23	0.60	1.73	12	1
1:A:55:ASN:HB3	1:A:61:LYS:HG2	0.60	1.73	13	1
1:A:83:LEU:HD13	1:A:122:TYR:CZ	0.60	2.32	17	1
1:A:4:VAL:HG23	1:A:4:VAL:O	0.60	1.97	18	1
1:A:125:ILE:HD13	1:A:125:ILE:N	0.60	2.12	4	3
1:A:43:VAL:HG11	1:A:112:VAL:HG13	0.60	1.72	6	1
1:A:7:ASP:CB	1:A:42:THR:HG23	0.60	2.27	20	2
1:A:5:LEU:HD23	1:A:5:LEU:H	0.60	1.55	2	1
1:A:12:THR:HG21	1:A:90:ARG:HD3	0.60	1.72	12	2
1:A:97:ALA:HB1	1:A:104:LEU:CD2	0.60	2.26	13	2
1:A:78:VAL:CG2	1:A:80:LEU:HD23	0.59	2.27	16	1
1:A:43:VAL:CG1	1:A:112:VAL:HG12	0.59	2.27	13	1
1:A:6:VAL:HG23	1:A:41:MET:HB2	0.59	1.74	9	2
1:A:94:GLU:OE2	1:A:104:LEU:HD11	0.59	1.97	6	1
1:A:6:VAL:CG2	1:A:29:THR:HG21	0.59	2.27	11	2
1:A:123:ASP:CA	1:A:133:MET:HE3	0.59	2.27	1	1
1:A:10:ILE:HD11	1:A:45:ILE:HD11	0.59	1.73	7	1
1:A:77:GLU:O	1:A:78:VAL:HG22	0.59	1.98	15	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:PHE:CZ	1:A:82:LEU:HD21	0.59	2.32	1	3
1:A:72:PHE:CE1	1:A:82:LEU:HD13	0.59	2.33	11	1
1:A:86:LEU:HD11	1:A:115:GLY:O	0.59	1.98	8	2
1:A:45:ILE:HG21	1:A:90:ARG:HG2	0.59	1.75	9	1
1:A:80:LEU:HD12	1:A:82:LEU:CD2	0.59	2.28	13	1
1:A:116:SER:OG	1:A:120:LEU:HD23	0.59	1.98	18	1
1:A:41:MET:HE3	1:A:83:LEU:HD22	0.59	1.74	20	1
1:A:120:LEU:CD1	1:A:120:LEU:N	0.59	2.66	2	1
1:A:43:VAL:HG12	1:A:86:LEU:CB	0.59	2.27	6	1
1:A:12:THR:HG21	1:A:90:ARG:CB	0.59	2.28	13	1
1:A:8:LEU:HD23	1:A:108:TRP:CD1	0.59	2.33	19	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:8:LEU:C	0.59	2.23	13	2
1:A:32:VAL:HG21	1:A:136:LEU:CD2	0.58	2.25	8	2
1:A:32:VAL:HG13	1:A:139:GLN:CB	0.58	2.28	2	1
1:A:33:GLN:N	1:A:34:PRO:HD2	0.58	2.13	17	9
1:A:141:MET:HA	1:A:141:MET:HE2	0.58	1.74	17	3
1:A:7:ASP:HB2	1:A:42:THR:HG23	0.58	1.73	11	3
1:A:68:LEU:HA	1:A:119:LEU:HD13	0.58	1.75	16	1
1:A:39:VAL:HG22	1:A:81:PRO:HB2	0.58	1.75	2	1
1:A:69:SER:HB2	1:A:86:LEU:HD12	0.58	1.73	12	2
1:A:83:LEU:HD22	1:A:83:LEU:N	0.58	2.13	11	3
1:A:5:LEU:HB3	1:A:39:VAL:HB	0.58	1.75	2	1
1:A:82:LEU:O	1:A:83:LEU:HD22	0.58	1.98	17	4
1:A:67:VAL:HG22	1:A:88:ILE:HG23	0.58	1.73	1	1
1:A:72:PHE:CE1	1:A:82:LEU:HD22	0.58	2.33	15	1
1:A:104:LEU:HD12	1:A:108:TRP:CZ3	0.58	2.33	2	1
1:A:43:VAL:HG12	1:A:86:LEU:HB2	0.58	1.75	6	2
1:A:78:VAL:HG23	1:A:80:LEU:CD2	0.58	2.26	20	1
1:A:120:LEU:HD11	1:A:122:TYR:CD1	0.58	2.34	7	2
1:A:11:ALA:HB2	1:A:46:VAL:HB	0.58	1.75	1	2
1:A:15:ILE:HD12	1:A:15:ILE:N	0.58	2.14	11	6
1:A:124:HIS:CB	1:A:125:ILE:HD13	0.58	2.27	4	3
1:A:27:TRP:CE2	1:A:144:LEU:HD13	0.58	2.33	17	2
1:A:80:LEU:HD22	1:A:80:LEU:H	0.58	1.59	17	2
1:A:108:TRP:O	1:A:112:VAL:HG13	0.57	1.98	16	2
1:A:69:SER:OG	1:A:119:LEU:HD13	0.57	1.98	3	1
1:A:4:VAL:HG13	1:A:4:VAL:O	0.57	1.99	6	12
1:A:68:LEU:HD11	1:A:70:PHE:CE1	0.57	2.35	3	1
1:A:12:THR:HG21	1:A:90:ARG:HB3	0.57	1.76	13	1
1:A:83:LEU:HD13	1:A:122:TYR:CE2	0.57	2.35	6	1
1:A:43:VAL:HG13	1:A:86:LEU:HB3	0.57	1.77	19	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:123:ASP:OD2	1:A:133:MET:HE3	0.57	1.98	10	1
1:A:15:ILE:HG13	1:A:18:LEU:HB3	0.57	1.76	5	1
1:A:88:ILE:N	1:A:88:ILE:HD13	0.57	2.14	18	1
1:A:93:VAL:HG11	1:A:111:MET:CE	0.57	2.29	11	4
1:A:136:LEU:C	1:A:136:LEU:HD13	0.57	2.25	9	9
1:A:81:PRO:O	1:A:82:LEU:HD12	0.57	1.99	13	1
1:A:83:LEU:HD21	1:A:116:SER:HB2	0.57	1.75	2	1
1:A:5:LEU:O	1:A:41:MET:HB2	0.57	2.00	2	1
1:A:19:PRO:HD2	1:A:24:ILE:HD11	0.57	1.76	5	1
1:A:7:ASP:C	1:A:8:LEU:HD22	0.57	2.24	10	1
1:A:67:VAL:HG11	1:A:114:HIS:NE2	0.57	2.15	19	1
1:A:15:ILE:HG21	1:A:90:ARG:CD	0.57	2.30	17	1
1:A:123:ASP:CB	1:A:133:MET:HE3	0.56	2.28	9	2
1:A:109:ALA:O	1:A:113:VAL:HG23	0.56	2.00	15	3
1:A:45:ILE:HD12	1:A:45:ILE:N	0.56	2.15	18	1
1:A:80:LEU:C	1:A:80:LEU:HD22	0.56	2.24	12	1
1:A:86:LEU:HD23	1:A:88:ILE:HD13	0.56	1.77	20	1
1:A:87:VAL:C	1:A:88:ILE:HD12	0.56	2.25	20	1
1:A:28:ALA:CB	1:A:109:ALA:HB2	0.56	2.29	13	7
1:A:38:GLU:O	1:A:39:VAL:HG22	0.56	2.00	1	1
1:A:14:ASN:C	1:A:15:ILE:HD13	0.56	2.25	5	1
1:A:44:ARG:HD2	1:A:87:VAL:HG22	0.56	1.77	7	2
1:A:5:LEU:HD23	1:A:5:LEU:N	0.56	2.15	2	1
1:A:67:VAL:HG12	1:A:88:ILE:HG23	0.56	1.76	10	1
1:A:24:ILE:HD13	1:A:108:TRP:CZ3	0.56	2.34	18	1
1:A:45:ILE:HD13	1:A:108:TRP:CZ2	0.56	2.36	1	2
1:A:8:LEU:C	1:A:8:LEU:HD12	0.56	2.26	14	4
1:A:10:ILE:HD12	1:A:12:THR:OG1	0.56	2.01	16	1
1:A:18:LEU:C	1:A:18:LEU:HD13	0.56	2.26	6	3
1:A:37:ASN:O	1:A:39:VAL:HG22	0.56	2.01	3	1
1:A:41:MET:HE3	1:A:83:LEU:HD13	0.56	1.77	5	1
1:A:24:ILE:HD13	1:A:108:TRP:CG	0.56	2.36	9	1
1:A:10:ILE:HG21	1:A:18:LEU:CD2	0.56	2.22	17	1
1:A:83:LEU:HD13	1:A:122:TYR:CE1	0.56	2.35	17	1
1:A:29:THR:HG23	1:A:140:ILE:HD13	0.55	1.76	2	1
1:A:27:TRP:CZ2	1:A:144:LEU:HD23	0.55	2.36	2	1
1:A:54:LEU:HA	1:A:57:THR:HG22	0.55	1.78	17	2
1:A:66:ASN:HD22	1:A:67:VAL:HG13	0.55	1.61	16	1
1:A:120:LEU:HD21	1:A:133:MET:HE1	0.55	1.78	3	2
1:A:8:LEU:HD13	1:A:25:VAL:HG23	0.55	1.77	5	1
1:A:4:VAL:HA	1:A:39:VAL:HG23	0.55	1.78	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:VAL:HG13	1:A:25:VAL:HG22	0.55	1.78	10	2
1:A:121:GLY:C	1:A:123:ASP:H	0.55	2.09	4	3
1:A:8:LEU:HD13	1:A:8:LEU:C	0.55	2.26	6	1
1:A:4:VAL:HG13	1:A:33:GLN:HE22	0.55	1.58	7	1
1:A:8:LEU:HD13	1:A:8:LEU:H	0.55	1.62	8	1
1:A:51:SER:CB	1:A:87:VAL:HG11	0.55	2.31	11	2
1:A:28:ALA:O	1:A:140:ILE:HG23	0.55	2.02	8	3
1:A:11:ALA:CB	1:A:46:VAL:HG23	0.55	2.31	1	3
1:A:86:LEU:HD22	1:A:112:VAL:HA	0.55	1.77	5	1
1:A:88:ILE:HD11	1:A:111:MET:HE1	0.55	1.77	13	1
1:A:80:LEU:CD1	1:A:82:LEU:HD21	0.55	2.31	15	2
1:A:77:GLU:C	1:A:78:VAL:HG23	0.55	2.27	12	2
1:A:5:LEU:HD12	1:A:41:MET:SD	0.54	2.42	2	1
1:A:125:ILE:HD11	1:A:129:GLU:HB2	0.54	1.78	16	5
1:A:8:LEU:HD21	1:A:21:GLU:HB3	0.54	1.78	8	2
1:A:15:ILE:HD13	1:A:17:GLY:O	0.54	2.02	10	2
1:A:24:ILE:HD12	1:A:105:MET:HA	0.54	1.79	10	1
1:A:82:LEU:O	1:A:82:LEU:HD23	0.54	2.02	2	1
1:A:114:HIS:O	1:A:118:HIS:CB	0.54	2.56	2	3
1:A:28:ALA:HB2	1:A:109:ALA:HB2	0.54	1.77	7	11
1:A:52:HIS:HA	1:A:68:LEU:HD21	0.54	1.78	17	1
1:A:14:ASN:C	1:A:15:ILE:HD12	0.54	2.28	20	3
1:A:32:VAL:HG11	1:A:136:LEU:CD2	0.54	2.32	10	1
1:A:136:LEU:HD21	1:A:140:ILE:HD11	0.54	1.79	17	1
1:A:124:HIS:O	1:A:125:ILE:C	0.54	2.51	1	4
1:A:82:LEU:HD13	1:A:82:LEU:C	0.54	2.28	18	2
1:A:136:LEU:C	1:A:136:LEU:HD12	0.54	2.28	11	1
1:A:86:LEU:HD11	1:A:116:SER:HA	0.54	1.79	8	3
1:A:88:ILE:HG21	1:A:111:MET:HE2	0.54	1.78	15	3
1:A:11:ALA:HB3	1:A:46:VAL:HG23	0.54	1.78	14	2
1:A:8:LEU:HD12	1:A:8:LEU:C	0.54	2.28	18	1
1:A:124:HIS:O	1:A:125:ILE:O	0.54	2.26	8	6
1:A:87:VAL:HG12	1:A:87:VAL:O	0.54	2.02	4	3
1:A:117:LEU:C	1:A:117:LEU:HD23	0.54	2.28	14	5
1:A:78:VAL:HG12	1:A:80:LEU:HD21	0.54	1.79	11	1
1:A:111:MET:HE2	1:A:112:VAL:HA	0.54	1.80	20	1
1:A:55:ASN:ND2	1:A:68:LEU:CD2	0.54	2.71	13	9
1:A:5:LEU:CA	1:A:40:GLU:HA	0.54	2.23	2	1
1:A:27:TRP:CE2	1:A:144:LEU:HD21	0.54	2.38	3	1
1:A:10:ILE:CD1	1:A:45:ILE:HD11	0.53	2.33	2	2
1:A:120:LEU:HD12	1:A:120:LEU:C	0.53	2.28	3	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:29:THR:O	1:A:32:VAL:HG12	0.53	2.03	11	6
1:A:18:LEU:N	1:A:18:LEU:HD22	0.53	2.18	15	1
1:A:41:MET:HG3	1:A:83:LEU:HD22	0.53	1.79	15	1
1:A:144:LEU:C	1:A:144:LEU:HD13	0.53	2.28	15	1
1:A:65:THR:CG2	1:A:68:LEU:HD12	0.53	2.33	17	1
1:A:18:LEU:HD22	1:A:19:PRO:CD	0.53	2.34	6	2
1:A:88:ILE:HD11	1:A:111:MET:HE3	0.53	1.78	11	1
1:A:8:LEU:HD21	1:A:21:GLU:HA	0.53	1.80	3	2
1:A:76:ASP:O	1:A:77:GLU:C	0.53	2.50	17	3
1:A:79:GLU:O	1:A:80:LEU:HD22	0.53	2.03	16	1
1:A:120:LEU:O	1:A:122:TYR:N	0.53	2.39	2	1
1:A:10:ILE:HD12	1:A:19:PRO:HD3	0.53	1.80	15	2
1:A:80:LEU:HD23	1:A:80:LEU:N	0.53	2.18	13	2
1:A:83:LEU:O	1:A:120:LEU:HD21	0.53	2.03	14	2
1:A:55:ASN:ND2	1:A:61:LYS:O	0.53	2.41	17	2
1:A:45:ILE:HD11	1:A:90:ARG:HB3	0.53	1.81	17	2
1:A:83:LEU:HD13	1:A:83:LEU:C	0.53	2.28	2	1
1:A:114:HIS:CG	1:A:115:GLY:N	0.53	2.77	17	8
1:A:8:LEU:HD13	1:A:25:VAL:CG2	0.53	2.33	5	1
1:A:122:TYR:CE2	1:A:133:MET:CG	0.53	2.92	5	3
1:A:14:ASN:O	1:A:15:ILE:C	0.53	2.51	13	2
1:A:80:LEU:HD11	1:A:82:LEU:HD23	0.53	1.80	14	1
1:A:41:MET:HG2	1:A:83:LEU:HG	0.53	1.80	2	1
1:A:28:ALA:HB1	1:A:140:ILE:CG2	0.53	2.33	8	1
1:A:78:VAL:HB	1:A:80:LEU:HD21	0.53	1.80	10	2
1:A:124:HIS:HD2	1:A:125:ILE:HG23	0.53	1.64	12	1
1:A:86:LEU:HD23	1:A:87:VAL:H	0.53	1.64	7	2
1:A:42:THR:HG22	1:A:85:ASP:OD1	0.53	2.03	7	3
1:A:119:LEU:HD13	1:A:120:LEU:N	0.53	2.19	20	3
1:A:45:ILE:HA	1:A:88:ILE:O	0.53	2.04	20	1
1:A:32:VAL:HG12	1:A:136:LEU:HD22	0.52	1.81	2	1
1:A:69:SER:CB	1:A:119:LEU:HD22	0.52	2.34	4	2
1:A:92:VAL:HG13	1:A:93:VAL:N	0.52	2.19	8	7
1:A:21:GLU:O	1:A:25:VAL:HG23	0.52	2.04	18	12
1:A:56:LEU:HD21	1:A:62:ASP:OD1	0.52	2.04	17	1
1:A:32:VAL:HG22	1:A:32:VAL:O	0.52	2.04	9	5
1:A:141:MET:HA	1:A:146:PHE:CE1	0.52	2.39	12	1
1:A:82:LEU:C	1:A:82:LEU:HD22	0.52	2.29	18	1
1:A:4:VAL:CG2	1:A:29:THR:HG22	0.52	2.35	13	3
1:A:82:LEU:HD22	1:A:83:LEU:N	0.52	2.20	5	3
1:A:72:PHE:CD1	1:A:82:LEU:HD22	0.52	2.39	16	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:80:LEU:HD12	1:A:80:LEU:O	0.52	2.05	3	1
1:A:113:VAL:HG21	1:A:141:MET:HE3	0.52	1.81	15	3
1:A:136:LEU:HD13	1:A:137:GLU:N	0.52	2.20	17	3
1:A:136:LEU:HD12	1:A:137:GLU:N	0.52	2.19	18	5
1:A:38:GLU:O	1:A:39:VAL:HB	0.52	2.04	11	1
1:A:111:MET:HE2	1:A:112:VAL:N	0.52	2.19	20	1
1:A:67:VAL:HG11	1:A:115:GLY:HA3	0.52	1.82	1	1
1:A:83:LEU:HD12	1:A:120:LEU:HD23	0.52	1.80	11	1
1:A:121:GLY:O	1:A:123:ASP:N	0.52	2.42	4	6
1:A:117:LEU:C	1:A:117:LEU:HD12	0.52	2.30	11	1
1:A:10:ILE:HD13	1:A:45:ILE:O	0.52	2.05	16	1
1:A:113:VAL:HG11	1:A:137:GLU:HG3	0.51	1.80	10	3
1:A:72:PHE:CE2	1:A:82:LEU:CD2	0.51	2.93	1	2
1:A:18:LEU:CD1	1:A:20:THR:HG23	0.51	2.35	1	1
1:A:119:LEU:HD22	1:A:119:LEU:C	0.51	2.30	7	1
1:A:68:LEU:O	1:A:87:VAL:N	0.51	2.43	16	2
1:A:4:VAL:HG11	1:A:29:THR:O	0.51	2.06	20	1
1:A:4:VAL:O	1:A:6:VAL:N	0.51	2.43	2	1
1:A:21:GLU:O	1:A:25:VAL:HB	0.51	2.05	2	2
1:A:97:ALA:CB	1:A:104:LEU:HD21	0.51	2.34	13	1
1:A:144:LEU:HD23	1:A:144:LEU:N	0.51	2.20	17	1
1:A:83:LEU:HD23	1:A:122:TYR:CE2	0.51	2.41	20	1
1:A:32:VAL:HG11	1:A:136:LEU:HD22	0.51	1.83	15	2
1:A:6:VAL:CG1	1:A:25:VAL:HG22	0.51	2.35	1	1
1:A:24:ILE:HD12	1:A:108:TRP:CG	0.51	2.40	1	1
1:A:123:ASP:HA	1:A:133:MET:HE3	0.51	1.82	1	1
1:A:133:MET:HE1	1:A:137:GLU:HB2	0.51	1.83	7	1
1:A:83:LEU:CD1	1:A:120:LEU:HD23	0.51	2.36	11	1
1:A:80:LEU:HD11	1:A:82:LEU:HD21	0.51	1.81	15	1
1:A:15:ILE:HD12	1:A:15:ILE:H	0.51	1.65	1	4
1:A:4:VAL:O	1:A:6:VAL:HG12	0.51	2.06	2	1
1:A:10:ILE:HG12	1:A:45:ILE:HD11	0.51	1.83	2	1
1:A:41:MET:HA	1:A:83:LEU:HB3	0.51	1.82	2	1
1:A:69:SER:HB3	1:A:119:LEU:HD13	0.51	1.82	17	1
1:A:33:GLN:N	1:A:34:PRO:CD	0.51	2.74	13	11
1:A:66:ASN:ND2	1:A:67:VAL:HG22	0.51	2.21	5	2
1:A:75:PRO:HG2	1:A:78:VAL:HG11	0.51	1.81	5	1
1:A:61:LYS:CD	1:A:68:LEU:HD11	0.51	2.34	7	2
1:A:10:ILE:HG21	1:A:18:LEU:HD11	0.51	1.82	10	1
1:A:78:VAL:HG12	1:A:80:LEU:CD2	0.51	2.36	11	1
1:A:117:LEU:HD12	1:A:117:LEU:O	0.51	2.06	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:124:HIS:CD2	1:A:124:HIS:N	0.51	2.78	13	1
1:A:44:ARG:O	1:A:87:VAL:HA	0.51	2.05	20	1
1:A:75:PRO:HG2	1:A:78:VAL:HG13	0.51	1.83	6	1
1:A:39:VAL:HG11	1:A:136:LEU:HD22	0.51	1.81	11	2
1:A:146:PHE:N	1:A:146:PHE:CD1	0.51	2.78	12	1
1:A:133:MET:HE3	1:A:137:GLU:OE2	0.51	2.06	13	1
1:A:8:LEU:HA	1:A:43:VAL:HG13	0.51	1.82	14	1
1:A:89:CYS:O	1:A:93:VAL:HG13	0.51	2.06	4	2
1:A:65:THR:HB	1:A:68:LEU:HB2	0.51	1.83	13	1
1:A:41:MET:HA	1:A:83:LEU:HD12	0.50	1.83	2	1
1:A:28:ALA:HB1	1:A:140:ILE:HG21	0.50	1.82	3	1
1:A:43:VAL:HG11	1:A:112:VAL:HB	0.50	1.82	12	1
1:A:138:THR:HG23	1:A:142:GLN:CD	0.50	2.31	15	1
1:A:46:VAL:HG22	1:A:47:ASP:N	0.50	2.22	19	17
1:A:117:LEU:N	1:A:117:LEU:CD1	0.50	2.74	2	1
1:A:138:THR:HG23	1:A:142:GLN:HE21	0.50	1.66	3	1
1:A:12:THR:HG23	1:A:15:ILE:CD1	0.50	2.36	20	1
1:A:129:GLU:O	1:A:133:MET:N	0.50	2.42	20	1
1:A:55:ASN:ND2	1:A:68:LEU:HD21	0.50	2.21	13	3
1:A:52:HIS:CE1	1:A:64:PRO:HA	0.50	2.41	19	5
1:A:136:LEU:HD13	1:A:136:LEU:C	0.50	2.30	17	1
1:A:88:ILE:CG1	1:A:111:MET:HE3	0.50	2.37	20	1
1:A:126:GLU:CA	1:A:130:ALA:HB2	0.50	2.37	1	2
1:A:67:VAL:O	1:A:67:VAL:HG23	0.50	2.05	2	3
1:A:86:LEU:HD11	1:A:116:SER:CA	0.50	2.37	14	3
1:A:4:VAL:HG22	1:A:6:VAL:CG1	0.50	2.35	14	1
1:A:32:VAL:HG21	1:A:136:LEU:HB2	0.50	1.83	16	2
1:A:4:VAL:HG21	1:A:33:GLN:NE2	0.50	2.21	11	1
1:A:5:LEU:C	1:A:41:MET:H	0.50	2.15	2	1
1:A:32:VAL:HG11	1:A:136:LEU:CD1	0.50	2.27	12	1
1:A:86:LEU:HD23	1:A:87:VAL:N	0.50	2.22	2	2
1:A:67:VAL:HG21	1:A:114:HIS:CE1	0.50	2.42	14	3
1:A:105:MET:HE2	1:A:105:MET:CA	0.49	2.37	14	4
1:A:27:TRP:CG	1:A:28:ALA:N	0.49	2.80	2	1
1:A:119:LEU:HD23	1:A:120:LEU:CD1	0.49	2.36	2	1
1:A:43:VAL:HG11	1:A:112:VAL:CB	0.49	2.37	12	1
1:A:83:LEU:HD21	1:A:133:MET:SD	0.49	2.47	17	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:24:ILE:CD1	0.49	2.29	5	1
1:A:136:LEU:CD2	1:A:140:ILE:HD11	0.49	2.36	17	1
1:A:136:LEU:CD1	1:A:140:ILE:HD11	0.49	2.38	18	1
1:A:144:LEU:HD12	1:A:146:PHE:CZ	0.49	2.42	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:69:SER:CB	1:A:119:LEU:HD13	0.49	2.37	17	1
1:A:61:LYS:O	1:A:62:ASP:O	0.49	2.30	5	8
1:A:24:ILE:HD13	1:A:108:TRP:CD2	0.49	2.42	7	1
1:A:109:ALA:HB1	1:A:146:PHE:CZ	0.49	2.43	8	1
1:A:43:VAL:HG21	1:A:112:VAL:CG1	0.49	2.36	9	1
1:A:56:LEU:HA	1:A:60:GLY:CA	0.49	2.37	15	5
1:A:15:ILE:N	1:A:15:ILE:CD1	0.49	2.74	5	3
1:A:124:HIS:CD2	1:A:125:ILE:CD1	0.49	2.95	13	1
1:A:8:LEU:HD13	1:A:108:TRP:CZ3	0.49	2.43	18	2
1:A:136:LEU:HD12	1:A:136:LEU:C	0.49	2.32	18	1
1:A:10:ILE:HD12	1:A:18:LEU:HD23	0.49	1.85	6	1
1:A:11:ALA:HB3	1:A:45:ILE:O	0.49	2.08	18	1
1:A:25:VAL:O	1:A:30:GLY:N	0.49	2.46	11	8
1:A:21:GLU:O	1:A:25:VAL:N	0.49	2.46	7	10
1:A:80:LEU:HD13	1:A:80:LEU:N	0.49	2.22	17	4
1:A:43:VAL:HG21	1:A:112:VAL:HG11	0.49	1.85	12	1
1:A:117:LEU:HG	1:A:121:GLY:HA3	0.49	1.84	2	1
1:A:14:ASN:O	1:A:15:ILE:O	0.49	2.31	10	1
1:A:125:ILE:HD12	1:A:129:GLU:HB2	0.49	1.84	14	1
1:A:8:LEU:HA	1:A:43:VAL:HG23	0.49	1.84	3	2
1:A:66:ASN:ND2	1:A:67:VAL:HG23	0.49	2.22	4	2
1:A:111:MET:O	1:A:114:HIS:CD2	0.49	2.66	17	2
1:A:4:VAL:HG21	1:A:33:GLN:CD	0.49	2.32	11	1
1:A:111:MET:HE2	1:A:111:MET:HA	0.49	1.84	13	1
1:A:39:VAL:HG13	1:A:81:PRO:HB2	0.48	1.84	2	1
1:A:6:VAL:HG21	1:A:29:THR:HG21	0.48	1.84	19	2
1:A:70:PHE:CE1	1:A:87:VAL:HG21	0.48	2.43	14	1
1:A:88:ILE:HG21	1:A:111:MET:CE	0.48	2.38	16	1
1:A:11:ALA:HB2	1:A:44:ARG:NE	0.48	2.23	20	1
1:A:27:TRP:CZ2	1:A:144:LEU:CD1	0.48	2.97	11	2
1:A:77:GLU:O	1:A:79:GLU:N	0.48	2.45	12	1
1:A:61:LYS:HD2	1:A:68:LEU:HD11	0.48	1.85	13	1
1:A:10:ILE:HG21	1:A:18:LEU:HD22	0.48	1.86	16	1
1:A:117:LEU:CD1	1:A:133:MET:HE1	0.48	2.38	16	1
1:A:29:THR:HA	1:A:32:VAL:CG1	0.48	2.38	19	1
1:A:77:GLU:C	1:A:78:VAL:CG2	0.48	2.86	12	3
1:A:112:VAL:HG23	1:A:113:VAL:N	0.48	2.24	2	10
1:A:5:LEU:HD22	1:A:39:VAL:HB	0.48	1.83	2	1
1:A:32:VAL:HG12	1:A:33:GLN:HE21	0.48	1.68	12	1
1:A:80:LEU:CD1	1:A:80:LEU:N	0.48	2.75	12	1
1:A:8:LEU:HD13	1:A:108:TRP:HZ3	0.48	1.68	18	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:VAL:HG12	1:A:41:MET:HB2	0.48	1.85	16	2
1:A:111:MET:HE2	1:A:112:VAL:CA	0.48	2.38	20	1
1:A:88:ILE:HG22	1:A:89:CYS:N	0.48	2.23	9	10
1:A:39:VAL:HG22	1:A:81:PRO:CB	0.48	2.39	2	1
1:A:111:MET:CE	1:A:114:HIS:CD2	0.48	2.96	13	1
1:A:41:MET:HG2	1:A:83:LEU:HD22	0.48	1.85	18	2
1:A:104:LEU:HD22	1:A:108:TRP:HZ3	0.48	1.68	9	1
1:A:92:VAL:HG23	1:A:93:VAL:N	0.48	2.24	19	5
1:A:83:LEU:CD1	1:A:122:TYR:CZ	0.48	2.97	17	2
1:A:8:LEU:HA	1:A:43:VAL:O	0.48	2.09	19	5
1:A:80:LEU:HD12	1:A:82:LEU:HD21	0.48	1.85	13	1
1:A:72:PHE:CD1	1:A:72:PHE:C	0.48	2.91	17	4
1:A:44:ARG:N	1:A:86:LEU:O	0.48	2.47	5	1
1:A:67:VAL:HG12	1:A:88:ILE:HD12	0.48	1.85	5	1
1:A:124:HIS:CD2	1:A:125:ILE:HG23	0.48	2.43	12	1
1:A:69:SER:H	1:A:119:LEU:HD22	0.48	1.69	19	1
1:A:83:LEU:HA	1:A:120:LEU:HD22	0.48	1.84	15	1
1:A:44:ARG:CD	1:A:87:VAL:HG22	0.48	2.38	7	1
1:A:55:ASN:HB2	1:A:68:LEU:HD23	0.48	1.86	17	1
1:A:32:VAL:CG1	1:A:136:LEU:HD22	0.47	2.39	2	1
1:A:12:THR:OG1	1:A:15:ILE:HG23	0.47	2.08	5	1
1:A:83:LEU:HD11	1:A:122:TYR:CE1	0.47	2.44	10	2
1:A:10:ILE:HD12	1:A:45:ILE:HB	0.47	1.85	18	1
1:A:89:CYS:SG	1:A:92:VAL:HG23	0.47	2.49	18	1
1:A:39:VAL:HG22	1:A:40:GLU:N	0.47	2.22	11	1
1:A:83:LEU:HD12	1:A:122:TYR:CE1	0.47	2.44	11	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:8:LEU:H	0.47	1.69	16	1
1:A:55:ASN:ND2	1:A:62:ASP:HA	0.47	2.24	17	1
1:A:48:GLU:O	1:A:52:HIS:CG	0.47	2.67	15	8
1:A:4:VAL:HG12	1:A:39:VAL:CG2	0.47	2.40	18	1
1:A:32:VAL:HG11	1:A:140:ILE:HD11	0.47	1.85	4	2
1:A:117:LEU:HD22	1:A:121:GLY:HA2	0.47	1.84	13	1
1:A:122:TYR:HA	1:A:133:MET:HE2	0.47	1.83	15	1
1:A:110:HIS:HA	1:A:141:MET:HE1	0.47	1.86	17	1
1:A:56:LEU:HD11	1:A:62:ASP:HB3	0.47	1.86	18	1
1:A:44:ARG:NH1	1:A:54:LEU:HD11	0.47	2.25	5	1
1:A:63:ARG:HB3	1:A:64:PRO:CD	0.47	2.39	14	5
1:A:6:VAL:HA	1:A:41:MET:O	0.47	2.09	18	4
1:A:124:HIS:CD2	1:A:125:ILE:HG12	0.47	2.44	20	2
1:A:15:ILE:HD13	1:A:18:LEU:CA	0.47	2.40	1	1
1:A:106:ALA:CB	1:A:146:PHE:CD1	0.47	2.98	20	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:75:PRO:HG2	1:A:78:VAL:HG21	0.47	1.87	7	1
1:A:11:ALA:N	1:A:45:ILE:O	0.47	2.48	9	1
1:A:97:ALA:HB2	1:A:107:HIS:ND1	0.47	2.24	9	2
1:A:27:TRP:CZ2	1:A:144:LEU:CD2	0.47	2.97	2	2
1:A:72:PHE:CE1	1:A:82:LEU:CD1	0.47	2.97	2	4
1:A:109:ALA:HB1	1:A:146:PHE:CE2	0.47	2.44	8	1
1:A:10:ILE:CG2	1:A:18:LEU:HD11	0.47	2.39	10	1
1:A:86:LEU:HD13	1:A:116:SER:HB2	0.47	1.85	18	1
1:A:8:LEU:CD1	1:A:25:VAL:HG22	0.47	2.40	19	1
1:A:51:SER:OG	1:A:87:VAL:HG13	0.47	2.09	2	1
1:A:125:ILE:HD11	1:A:129:GLU:OE1	0.47	2.09	2	1
1:A:63:ARG:O	1:A:64:PRO:C	0.47	2.57	9	5
1:A:77:GLU:O	1:A:78:VAL:CG2	0.47	2.63	19	2
1:A:83:LEU:CD2	1:A:122:TYR:CZ	0.47	2.97	18	2
1:A:119:LEU:C	1:A:119:LEU:HD22	0.47	2.35	20	1
1:A:7:ASP:O	1:A:43:VAL:N	0.47	2.48	2	1
1:A:54:LEU:C	1:A:54:LEU:CD1	0.47	2.88	5	5
1:A:120:LEU:N	1:A:120:LEU:HD13	0.47	2.25	2	1
1:A:119:LEU:HD13	1:A:120:LEU:HB3	0.47	1.85	20	2
1:A:54:LEU:HD13	1:A:54:LEU:O	0.47	2.08	16	2
1:A:120:LEU:HD11	1:A:124:HIS:CE1	0.47	2.45	19	1
1:A:83:LEU:HD13	1:A:120:LEU:HD21	0.46	1.87	3	1
1:A:67:VAL:O	1:A:119:LEU:HD13	0.46	2.10	4	1
1:A:114:HIS:CD2	1:A:115:GLY:N	0.46	2.83	5	1
1:A:78:VAL:CB	1:A:80:LEU:HD11	0.46	2.40	17	1
1:A:114:HIS:O	1:A:118:HIS:HB2	0.46	2.10	2	1
1:A:19:PRO:HB3	1:A:24:ILE:HD11	0.46	1.87	4	1
1:A:27:TRP:CZ2	1:A:144:LEU:HD22	0.46	2.45	5	3
1:A:105:MET:N	1:A:105:MET:HE3	0.46	2.25	19	4
1:A:109:ALA:O	1:A:141:MET:HE2	0.46	2.10	10	1
1:A:8:LEU:H	1:A:8:LEU:HD13	0.46	1.69	13	1
1:A:56:LEU:HD11	1:A:61:LYS:O	0.46	2.10	14	1
1:A:56:LEU:N	1:A:56:LEU:HD12	0.46	2.25	16	1
1:A:53:GLU:O	1:A:57:THR:HB	0.46	2.10	7	9
1:A:117:LEU:HD23	1:A:122:TYR:CE1	0.46	2.45	2	2
1:A:109:ALA:CB	1:A:146:PHE:CZ	0.46	2.99	8	1
1:A:11:ALA:HB2	1:A:46:VAL:CB	0.46	2.41	1	1
1:A:26:GLN:O	1:A:30:GLY:CA	0.46	2.63	3	13
1:A:5:LEU:HA	1:A:39:VAL:O	0.46	2.11	2	1
1:A:106:ALA:HB1	1:A:146:PHE:CG	0.46	2.45	19	5
1:A:27:TRP:CD1	1:A:105:MET:HB2	0.46	2.45	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:9:GLN:O	1:A:45:ILE:HD13	0.46	2.10	12	1
1:A:67:VAL:O	1:A:119:LEU:HD12	0.46	2.11	12	1
1:A:72:PHE:CD2	1:A:73:GLU:N	0.46	2.83	2	1
1:A:27:TRP:CZ3	1:A:144:LEU:HD23	0.46	2.45	8	1
1:A:38:GLU:O	1:A:39:VAL:CB	0.46	2.62	11	1
1:A:88:ILE:HD11	1:A:111:MET:HB3	0.46	1.87	11	1
1:A:56:LEU:HA	1:A:60:GLY:HA2	0.46	1.88	17	10
1:A:88:ILE:CG2	1:A:89:CYS:N	0.46	2.78	17	6
1:A:11:ALA:HB3	1:A:46:VAL:CB	0.46	2.39	19	4
1:A:83:LEU:HD23	1:A:122:TYR:HE2	0.46	1.70	20	1
1:A:72:PHE:CZ	1:A:82:LEU:CD2	0.46	2.99	7	2
1:A:5:LEU:H	1:A:5:LEU:CD2	0.46	2.24	2	1
1:A:113:VAL:HG11	1:A:137:GLU:CG	0.46	2.41	2	2
1:A:54:LEU:O	1:A:58:TYR:CD2	0.46	2.69	19	4
1:A:10:ILE:HD12	1:A:19:PRO:HG3	0.46	1.88	15	1
1:A:41:MET:CB	1:A:83:LEU:HD13	0.46	2.40	15	1
1:A:120:LEU:HD11	1:A:133:MET:HE2	0.46	1.87	15	1
1:A:140:ILE:O	1:A:144:LEU:CB	0.46	2.63	15	1
1:A:61:LYS:CG	1:A:61:LYS:O	0.46	2.63	18	1
1:A:32:VAL:C	1:A:34:PRO:HD2	0.46	2.36	2	2
1:A:144:LEU:CB	1:A:146:PHE:CE1	0.46	2.99	11	1
1:A:32:VAL:HG21	1:A:136:LEU:O	0.46	2.11	14	1
1:A:32:VAL:HG13	1:A:139:GLN:CD	0.46	2.36	15	2
1:A:80:LEU:CD1	1:A:82:LEU:CD2	0.46	2.94	15	1
1:A:120:LEU:HD12	1:A:121:GLY:C	0.46	2.35	20	1
1:A:70:PHE:CE2	1:A:87:VAL:CG2	0.46	2.99	3	3
1:A:97:ALA:CB	1:A:107:HIS:CD2	0.46	2.98	6	3
1:A:77:GLU:O	1:A:78:VAL:HG23	0.46	2.11	12	1
1:A:6:VAL:HG11	1:A:25:VAL:CG1	0.46	2.26	2	1
1:A:89:CYS:HB3	1:A:92:VAL:HG22	0.46	1.87	3	1
1:A:136:LEU:HD13	1:A:140:ILE:HD11	0.46	1.87	18	1
1:A:122:TYR:CD2	1:A:133:MET:CG	0.45	2.99	1	4
1:A:27:TRP:CD1	1:A:28:ALA:N	0.45	2.84	10	3
1:A:28:ALA:O	1:A:32:VAL:HG23	0.45	2.12	12	2
1:A:27:TRP:CD1	1:A:105:MET:CG	0.45	2.99	13	6
1:A:120:LEU:HG	1:A:121:GLY:N	0.45	2.23	4	3
1:A:18:LEU:HD13	1:A:18:LEU:O	0.45	2.11	6	1
1:A:10:ILE:HD11	1:A:15:ILE:HD11	0.45	1.86	10	1
1:A:39:VAL:CG2	1:A:83:LEU:CD2	0.45	2.94	11	1
1:A:24:ILE:CD1	1:A:108:TRP:CE3	0.45	2.99	15	1
1:A:18:LEU:HD13	1:A:20:THR:CG2	0.45	2.41	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:63:ARG:HB2	1:A:64:PRO:HD2	0.45	1.85	2	2
1:A:43:VAL:HG23	1:A:88:ILE:CD1	0.45	2.41	4	1
1:A:117:LEU:HD12	1:A:122:TYR:H	0.45	1.71	4	1
1:A:81:PRO:C	1:A:82:LEU:HG	0.45	2.36	13	1
1:A:4:VAL:HA	1:A:39:VAL:HG22	0.45	1.86	20	2
1:A:120:LEU:CD2	1:A:121:GLY:H	0.45	2.23	2	1
1:A:122:TYR:N	1:A:122:TYR:CD1	0.45	2.83	2	1
1:A:117:LEU:HD12	1:A:122:TYR:N	0.45	2.26	4	1
1:A:104:LEU:HD12	1:A:108:TRP:CE2	0.45	2.44	5	1
1:A:111:MET:CE	1:A:114:HIS:CE1	0.45	3.00	11	2
1:A:54:LEU:CD1	1:A:58:TYR:CZ	0.45	2.93	13	1
1:A:117:LEU:HD23	1:A:122:TYR:CD1	0.45	2.46	13	1
1:A:69:SER:CB	1:A:86:LEU:HD12	0.45	2.41	1	2
1:A:15:ILE:HD13	1:A:18:LEU:N	0.45	2.27	17	1
1:A:72:PHE:CD2	1:A:82:LEU:CD2	0.45	3.00	17	1
1:A:88:ILE:CD1	1:A:88:ILE:N	0.45	2.80	18	1
1:A:41:MET:HE1	1:A:113:VAL:HG22	0.45	1.88	2	1
1:A:112:VAL:HG13	1:A:113:VAL:N	0.45	2.26	11	1
1:A:145:GLY:C	1:A:146:PHE:CD1	0.45	2.95	12	1
1:A:136:LEU:C	1:A:136:LEU:CD1	0.45	2.89	2	1
1:A:20:THR:HG23	1:A:23:GLN:HB3	0.45	1.88	3	1
1:A:83:LEU:O	1:A:122:TYR:CZ	0.45	2.69	4	1
1:A:15:ILE:HG21	1:A:90:ARG:CZ	0.45	2.40	11	2
1:A:54:LEU:C	1:A:54:LEU:HD22	0.45	2.36	9	3
1:A:54:LEU:CD1	1:A:58:TYR:CE2	0.45	2.94	11	4
1:A:107:HIS:CD2	1:A:107:HIS:C	0.45	2.95	8	1
1:A:13:GLU:O	1:A:14:ASN:C	0.45	2.59	10	1
1:A:120:LEU:HD11	1:A:122:TYR:CG	0.45	2.47	12	1
1:A:109:ALA:O	1:A:112:VAL:HG22	0.45	2.12	15	1
1:A:93:VAL:CG2	1:A:94:GLU:N	0.45	2.80	15	9
1:A:53:GLU:O	1:A:57:THR:HG22	0.45	2.12	10	5
1:A:56:LEU:HD12	1:A:56:LEU:H	0.45	1.71	6	1
1:A:55:ASN:O	1:A:59:ARG:HD2	0.45	2.12	17	1
1:A:74:CYS:CB	1:A:75:PRO:HD2	0.45	2.42	18	1
1:A:41:MET:HG2	1:A:83:LEU:HD13	0.45	1.86	20	1
1:A:83:LEU:HD22	1:A:83:LEU:C	0.45	2.36	2	1
1:A:82:LEU:CD1	1:A:82:LEU:N	0.45	2.80	4	1
1:A:86:LEU:HD22	1:A:88:ILE:CG1	0.45	2.42	10	3
1:A:28:ALA:HB1	1:A:109:ALA:HB2	0.45	1.87	13	1
1:A:125:ILE:HG22	1:A:126:GLU:N	0.45	2.26	14	1
1:A:43:VAL:HG13	1:A:86:LEU:CB	0.45	2.42	19	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:80:LEU:N	1:A:80:LEU:CD2	0.45	2.76	20	1
1:A:90:ARG:O	1:A:94:GLU:CB	0.44	2.65	8	11
1:A:109:ALA:O	1:A:141:MET:HE1	0.44	2.13	1	1
1:A:32:VAL:CG2	1:A:140:ILE:HG12	0.44	2.42	2	1
1:A:12:THR:HG21	1:A:90:ARG:HG2	0.44	1.89	4	1
1:A:86:LEU:HD11	1:A:116:SER:OG	0.44	2.12	9	1
1:A:140:ILE:C	1:A:141:MET:HE2	0.44	2.37	12	1
1:A:58:TYR:CE1	1:A:59:ARG:HG2	0.44	2.47	1	1
1:A:113:VAL:HG11	1:A:137:GLU:HG2	0.44	1.89	2	1
1:A:144:LEU:HD13	1:A:146:PHE:CZ	0.44	2.47	4	1
1:A:88:ILE:HG21	1:A:111:MET:SD	0.44	2.52	9	1
1:A:110:HIS:HA	1:A:113:VAL:CG2	0.44	2.43	9	2
1:A:93:VAL:CG1	1:A:111:MET:HE2	0.44	2.32	14	1
1:A:43:VAL:HG23	1:A:86:LEU:HB3	0.44	1.89	15	1
1:A:11:ALA:HB2	1:A:44:ARG:CZ	0.44	2.43	20	1
1:A:10:ILE:CG1	1:A:45:ILE:HD11	0.44	2.42	2	2
1:A:117:LEU:HD11	1:A:133:MET:HE2	0.44	1.88	10	2
1:A:72:PHE:CZ	1:A:74:CYS:CB	0.44	3.00	18	1
1:A:18:LEU:CD1	1:A:20:THR:CG2	0.44	2.96	1	1
1:A:126:GLU:HA	1:A:130:ALA:CB	0.44	2.43	6	3
1:A:12:THR:HG21	1:A:15:ILE:CG1	0.44	2.43	7	1
1:A:61:LYS:CE	1:A:68:LEU:HD11	0.44	2.43	7	1
1:A:105:MET:HE3	1:A:105:MET:CA	0.44	2.42	19	4
1:A:119:LEU:HD23	1:A:119:LEU:O	0.44	2.11	14	1
1:A:86:LEU:HD21	1:A:115:GLY:C	0.44	2.37	19	1
1:A:58:TYR:CD1	1:A:58:TYR:C	0.44	2.95	5	4
1:A:86:LEU:HD11	1:A:116:SER:H	0.44	1.71	3	1
1:A:11:ALA:O	1:A:46:VAL:HG23	0.44	2.13	7	2
1:A:10:ILE:HD11	1:A:90:ARG:HD3	0.44	1.88	14	1
1:A:44:ARG:NH1	1:A:54:LEU:HD21	0.44	2.27	15	1
1:A:65:THR:CG2	1:A:68:LEU:CD1	0.44	2.95	17	1
1:A:72:PHE:CG	1:A:82:LEU:HD22	0.44	2.48	17	1
1:A:11:ALA:CB	1:A:45:ILE:O	0.44	2.65	18	1
1:A:80:LEU:O	1:A:82:LEU:HD12	0.44	2.13	18	2
1:A:125:ILE:HD13	1:A:125:ILE:H	0.44	1.71	2	2
1:A:52:HIS:CE1	1:A:65:THR:N	0.44	2.85	4	1
1:A:10:ILE:HD11	1:A:45:ILE:CD1	0.44	2.43	7	1
1:A:78:VAL:O	1:A:125:ILE:HD13	0.44	2.13	18	1
1:A:52:HIS:CE1	1:A:65:THR:O	0.44	2.71	4	1
1:A:31:ALA:CB	1:A:144:LEU:HD11	0.44	2.42	8	1
1:A:37:ASN:HB2	1:A:136:LEU:HD23	0.44	1.88	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:140:ILE:O	1:A:144:LEU:HG	0.44	2.12	11	1
1:A:76:ASP:O	1:A:78:VAL:HG13	0.44	2.12	20	2
1:A:10:ILE:HD13	1:A:19:PRO:CG	0.44	2.36	14	2
1:A:58:TYR:CE1	1:A:59:ARG:CG	0.44	3.01	1	1
1:A:39:VAL:CG2	1:A:83:LEU:HD21	0.44	2.43	11	1
1:A:45:ILE:HG22	1:A:90:ARG:HB2	0.44	1.89	11	1
1:A:63:ARG:CG	1:A:64:PRO:CD	0.43	2.96	20	3
1:A:125:ILE:N	1:A:125:ILE:CD1	0.43	2.81	7	3
1:A:110:HIS:O	1:A:113:VAL:HG12	0.43	2.13	19	2
1:A:140:ILE:O	1:A:146:PHE:CZ	0.43	2.72	18	3
1:A:18:LEU:N	1:A:18:LEU:CD2	0.43	2.81	15	1
1:A:121:GLY:O	1:A:122:TYR:C	0.43	2.61	15	2
1:A:58:TYR:OH	1:A:70:PHE:CG	0.43	2.69	18	2
1:A:54:LEU:CD1	1:A:55:ASN:N	0.43	2.78	20	3
1:A:32:VAL:CG1	1:A:140:ILE:HG12	0.43	2.44	4	1
1:A:55:ASN:HB3	1:A:70:PHE:CE1	0.43	2.48	4	1
1:A:55:ASN:OD1	1:A:70:PHE:CE2	0.43	2.71	7	1
1:A:83:LEU:HD11	1:A:122:TYR:CZ	0.43	2.48	9	1
1:A:72:PHE:CE1	1:A:82:LEU:CD2	0.43	3.01	15	1
1:A:69:SER:OG	1:A:86:LEU:HD12	0.43	2.14	18	1
1:A:8:LEU:O	1:A:8:LEU:CD2	0.43	2.62	19	1
1:A:38:GLU:C	1:A:39:VAL:CG2	0.43	2.87	1	2
1:A:43:VAL:HG21	1:A:112:VAL:HB	0.43	1.89	2	1
1:A:43:VAL:HG23	1:A:86:LEU:HD23	0.43	1.89	5	1
1:A:15:ILE:HG21	1:A:104:LEU:CD1	0.43	2.43	10	1
1:A:140:ILE:O	1:A:144:LEU:HB2	0.43	2.13	11	1
1:A:55:ASN:ND2	1:A:68:LEU:HG	0.43	2.28	17	1
1:A:8:LEU:O	1:A:8:LEU:HD13	0.43	2.12	19	1
1:A:44:ARG:HB3	1:A:87:VAL:HG13	0.43	1.89	20	1
1:A:4:VAL:HG11	1:A:33:GLN:CB	0.43	2.41	9	1
1:A:117:LEU:HD22	1:A:117:LEU:O	0.43	2.13	13	1
1:A:65:THR:HG22	1:A:68:LEU:CD1	0.43	2.43	17	1
1:A:29:THR:O	1:A:32:VAL:CG1	0.43	2.67	1	5
1:A:83:LEU:HD23	1:A:121:GLY:HA2	0.43	1.91	2	1
1:A:24:ILE:CD1	1:A:105:MET:HE2	0.43	2.43	13	1
1:A:132:GLU:O	1:A:136:LEU:HD23	0.43	2.14	18	1
1:A:6:VAL:HG23	1:A:41:MET:HB3	0.43	1.91	3	2
1:A:124:HIS:O	1:A:125:ILE:CG1	0.43	2.67	8	2
1:A:104:LEU:HD13	1:A:107:HIS:CG	0.43	2.48	8	1
1:A:111:MET:HE1	1:A:114:HIS:CE1	0.43	2.48	11	1
1:A:51:SER:CB	1:A:87:VAL:CG1	0.43	2.96	18	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:4:VAL:HB	1:A:33:GLN:HB2	0.43	1.91	19	1
1:A:19:PRO:O	1:A:20:THR:O	0.43	2.36	1	1
1:A:78:VAL:O	1:A:124:HIS:CE1	0.43	2.72	15	1
1:A:120:LEU:HD11	1:A:133:MET:CE	0.43	2.43	15	1
1:A:86:LEU:HD11	1:A:116:SER:HB2	0.43	1.91	19	1
1:A:68:LEU:HD23	1:A:87:VAL:HG11	0.43	1.89	2	2
1:A:19:PRO:CD	1:A:24:ILE:HD11	0.43	2.44	5	1
1:A:117:LEU:CD1	1:A:133:MET:HE2	0.43	2.44	10	1
1:A:83:LEU:CD1	1:A:122:TYR:CE1	0.43	3.02	11	1
1:A:72:PHE:CE2	1:A:82:LEU:CD1	0.43	3.01	20	1
1:A:4:VAL:HG12	1:A:37:ASN:HB2	0.43	1.88	1	1
1:A:83:LEU:HD11	1:A:133:MET:SD	0.43	2.54	3	1
1:A:140:ILE:O	1:A:144:LEU:CD1	0.43	2.67	10	3
1:A:80:LEU:N	1:A:80:LEU:HD13	0.43	2.28	12	1
1:A:82:LEU:HD22	1:A:82:LEU:O	0.43	2.14	12	1
1:A:82:LEU:C	1:A:82:LEU:CD2	0.43	2.92	12	2
1:A:8:LEU:CD1	1:A:8:LEU:N	0.43	2.82	13	1
1:A:56:LEU:HA	1:A:60:GLY:N	0.43	2.29	15	1
1:A:55:ASN:HB2	1:A:61:LYS:HB2	0.43	1.90	19	1
1:A:129:GLU:O	1:A:133:MET:HB2	0.42	2.13	5	1
1:A:107:HIS:O	1:A:111:MET:N	0.42	2.51	9	1
1:A:54:LEU:C	1:A:54:LEU:HD12	0.42	2.39	13	1
1:A:29:THR:HA	1:A:32:VAL:HG12	0.42	1.91	14	3
1:A:120:LEU:HD11	1:A:122:TYR:HB3	0.42	1.91	16	1
1:A:65:THR:HG21	1:A:68:LEU:HD12	0.42	1.90	17	1
1:A:12:THR:HG23	1:A:15:ILE:CG1	0.42	2.44	20	1
1:A:5:LEU:CD1	1:A:41:MET:SD	0.42	3.07	2	1
1:A:32:VAL:HG21	1:A:140:ILE:HG23	0.42	1.90	2	1
1:A:15:ILE:HG23	1:A:18:LEU:H	0.42	1.75	18	1
1:A:120:LEU:HD13	1:A:120:LEU:H	0.42	1.74	2	1
1:A:83:LEU:HD11	1:A:133:MET:CE	0.42	2.44	17	1
1:A:136:LEU:O	1:A:140:ILE:CG1	0.42	2.68	14	7
1:A:83:LEU:HA	1:A:122:TYR:CE1	0.42	2.49	7	1
1:A:48:GLU:CG	1:A:49:ALA:N	0.42	2.83	8	1
1:A:42:THR:O	1:A:86:LEU:N	0.42	2.52	16	2
1:A:63:ARG:CD	1:A:64:PRO:HD2	0.42	2.45	12	1
1:A:126:GLU:O	1:A:130:ALA:CB	0.42	2.68	14	1
1:A:104:LEU:O	1:A:108:TRP:CE3	0.42	2.72	5	1
1:A:10:ILE:HG12	1:A:45:ILE:CG1	0.42	2.45	12	1
1:A:56:LEU:HA	1:A:60:GLY:H	0.42	1.73	18	1
1:A:22:GLU:O	1:A:26:GLN:CB	0.42	2.68	1	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:121:GLY:C	1:A:123:ASP:N	0.42	2.78	7	2
1:A:43:VAL:HG22	1:A:44:ARG:N	0.42	2.30	5	1
1:A:55:ASN:OD1	1:A:70:PHE:CZ	0.42	2.73	7	1
1:A:20:THR:HG23	1:A:23:GLN:HB2	0.42	1.91	12	1
1:A:72:PHE:CD2	1:A:73:GLU:O	0.42	2.72	13	1
1:A:81:PRO:O	1:A:82:LEU:CD1	0.42	2.66	13	1
1:A:116:SER:O	1:A:120:LEU:HD23	0.42	2.15	14	2
1:A:82:LEU:HD12	1:A:82:LEU:C	0.42	2.40	20	1
1:A:32:VAL:HB	1:A:140:ILE:CG1	0.42	2.44	11	1
1:A:48:GLU:CG	1:A:52:HIS:NE2	0.42	2.83	12	1
1:A:52:HIS:NE2	1:A:64:PRO:HA	0.42	2.29	20	3
1:A:33:GLN:NE2	1:A:39:VAL:CG2	0.42	2.82	13	1
1:A:8:LEU:N	1:A:8:LEU:CD1	0.42	2.76	16	1
1:A:70:PHE:HB2	1:A:85:ASP:HB2	0.42	1.90	20	1
1:A:119:LEU:CD2	1:A:120:LEU:HD12	0.42	2.43	2	1
1:A:93:VAL:O	1:A:107:HIS:CE1	0.42	2.73	6	3
1:A:14:ASN:OD1	1:A:90:ARG:O	0.42	2.38	10	1
1:A:46:VAL:CG2	1:A:47:ASP:N	0.42	2.83	2	2
1:A:48:GLU:O	1:A:52:HIS:CD2	0.42	2.73	11	4
1:A:4:VAL:HG22	1:A:29:THR:HG22	0.42	1.90	2	1
1:A:46:VAL:HG13	1:A:51:SER:CB	0.42	2.45	20	2
1:A:24:ILE:HD13	1:A:108:TRP:CD1	0.42	2.49	9	1
1:A:82:LEU:N	1:A:82:LEU:CD1	0.42	2.82	12	1
1:A:122:TYR:O	1:A:124:HIS:CD2	0.42	2.73	13	2
1:A:8:LEU:HA	1:A:43:VAL:CG1	0.42	2.45	14	1
1:A:55:ASN:HB2	1:A:61:LYS:CB	0.42	2.45	19	1
1:A:141:MET:SD	1:A:141:MET:N	0.42	2.93	2	1
1:A:46:VAL:HG22	1:A:50:GLU:HB3	0.42	1.92	9	1
1:A:124:HIS:O	1:A:125:ILE:HG13	0.42	2.15	11	2
1:A:54:LEU:HD12	1:A:54:LEU:O	0.42	2.15	13	1
1:A:72:PHE:CZ	1:A:74:CYS:HB3	0.42	2.50	18	1
1:A:54:LEU:HD22	1:A:54:LEU:O	0.41	2.15	3	1
1:A:54:LEU:O	1:A:57:THR:HB	0.41	2.15	4	2
1:A:51:SER:O	1:A:55:ASN:ND2	0.41	2.53	7	1
1:A:9:GLN:C	1:A:45:ILE:HD13	0.41	2.39	10	1
1:A:39:VAL:CG2	1:A:40:GLU:N	0.41	2.83	11	1
1:A:5:LEU:O	1:A:40:GLU:HA	0.41	2.15	14	1
1:A:9:GLN:O	1:A:45:ILE:HG22	0.41	2.14	14	1
1:A:11:ALA:HB3	1:A:46:VAL:CG2	0.41	2.44	14	1
1:A:51:SER:HB2	1:A:87:VAL:HG11	0.41	1.92	14	2
1:A:117:LEU:HB2	1:A:122:TYR:CD1	0.41	2.50	18	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:29:THR:C	1:A:32:VAL:HG12	0.41	2.40	1	1
1:A:106:ALA:HB1	1:A:146:PHE:CZ	0.41	2.50	2	1
1:A:122:TYR:HA	1:A:133:MET:CE	0.41	2.45	3	1
1:A:93:VAL:CG1	1:A:111:MET:CE	0.41	2.98	5	1
1:A:91:GLN:O	1:A:95:ARG:CB	0.41	2.68	13	1
1:A:41:MET:HB2	1:A:83:LEU:HD13	0.41	1.92	15	1
1:A:124:HIS:CD2	1:A:124:HIS:H	0.41	2.33	17	1
1:A:124:HIS:CE1	1:A:125:ILE:CD1	0.41	3.04	17	1
1:A:140:ILE:O	1:A:146:PHE:CE2	0.41	2.73	1	3
1:A:32:VAL:C	1:A:34:PRO:CD	0.41	2.93	9	4
1:A:72:PHE:CD1	1:A:82:LEU:CD1	0.41	3.03	2	1
1:A:58:TYR:CZ	1:A:59:ARG:HG2	0.41	2.50	1	1
1:A:119:LEU:C	1:A:119:LEU:CD1	0.41	2.91	8	2
1:A:123:ASP:O	1:A:124:HIS:O	0.41	2.37	1	1
1:A:83:LEU:CD2	1:A:121:GLY:HA2	0.41	2.45	2	1
1:A:86:LEU:HD11	1:A:115:GLY:CA	0.41	2.45	2	1
1:A:109:ALA:C	1:A:141:MET:HE2	0.41	2.40	10	1
1:A:4:VAL:HA	1:A:39:VAL:O	0.41	2.14	11	1
1:A:63:ARG:CD	1:A:64:PRO:CD	0.41	2.98	12	1
1:A:129:GLU:O	1:A:133:MET:CB	0.41	2.69	20	2
1:A:61:LYS:O	1:A:61:LYS:CG	0.41	2.68	17	1
1:A:88:ILE:HD11	1:A:112:VAL:HA	0.41	1.92	17	1
1:A:77:GLU:C	1:A:78:VAL:HG22	0.41	2.40	19	1
1:A:33:GLN:NE2	1:A:136:LEU:CD2	0.41	2.84	2	1
1:A:8:LEU:HD22	1:A:43:VAL:HG23	0.41	1.89	12	1
1:A:33:GLN:NE2	1:A:37:ASN:O	0.41	2.54	13	1
1:A:119:LEU:HD13	1:A:119:LEU:C	0.41	2.39	15	2
1:A:10:ILE:HB	1:A:18:LEU:HD13	0.41	1.93	16	1
1:A:58:TYR:CE1	1:A:59:ARG:HB3	0.41	2.51	16	1
1:A:117:LEU:HG	1:A:121:GLY:HA2	0.41	1.93	16	1
1:A:55:ASN:HB2	1:A:68:LEU:CD2	0.41	2.45	17	1
1:A:110:HIS:CA	1:A:141:MET:HE1	0.41	2.46	17	1
1:A:72:PHE:CD1	1:A:72:PHE:O	0.41	2.73	18	1
1:A:117:LEU:HD23	1:A:117:LEU:O	0.41	2.15	5	1
1:A:54:LEU:O	1:A:58:TYR:CD1	0.41	2.74	10	1
1:A:67:VAL:HG12	1:A:88:ILE:CG1	0.41	2.46	16	1
1:A:86:LEU:CD1	1:A:116:SER:CA	0.41	2.99	18	1
1:A:136:LEU:O	1:A:140:ILE:HG13	0.41	2.15	9	2
1:A:8:LEU:CB	1:A:43:VAL:CG1	0.41	2.98	14	1
1:A:72:PHE:CE2	1:A:75:PRO:HD3	0.41	2.50	3	1
1:A:24:ILE:HD13	1:A:108:TRP:CE2	0.41	2.50	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:46:VAL:HG23	1:A:50:GLU:OE2	0.41	2.15	9	1
1:A:18:LEU:O	1:A:20:THR:N	0.41	2.53	10	1
1:A:112:VAL:CG1	1:A:113:VAL:N	0.41	2.84	11	1
1:A:15:ILE:CD1	1:A:18:LEU:HD22	0.41	2.45	14	1
1:A:138:THR:O	1:A:142:GLN:N	0.41	2.54	14	1
1:A:19:PRO:HG2	1:A:24:ILE:HG13	0.41	1.92	16	1
1:A:32:VAL:HG23	1:A:136:LEU:HA	0.41	1.92	16	2
1:A:68:LEU:HD13	1:A:68:LEU:N	0.41	2.31	18	1
1:A:32:VAL:HG13	1:A:33:GLN:N	0.41	2.31	20	1
1:A:93:VAL:HG23	1:A:94:GLU:N	0.41	2.30	20	1
1:A:38:GLU:O	1:A:39:VAL:CG1	0.41	2.65	1	1
1:A:88:ILE:CD1	1:A:111:MET:HE2	0.41	2.46	5	1
1:A:88:ILE:HD11	1:A:111:MET:CE	0.41	2.46	5	1
1:A:52:HIS:CD2	1:A:64:PRO:HA	0.41	2.51	7	1
1:A:71:PRO:HD3	1:A:119:LEU:HD11	0.41	1.92	9	1
1:A:61:LYS:CD	1:A:70:PHE:CE1	0.41	3.04	10	1
1:A:113:VAL:HG13	1:A:122:TYR:OH	0.41	2.16	10	1
1:A:27:TRP:CD1	1:A:105:MET:HG3	0.41	2.51	11	1
1:A:79:GLU:O	1:A:125:ILE:HD13	0.41	2.16	15	1
1:A:27:TRP:O	1:A:144:LEU:HD21	0.41	2.16	16	1
1:A:12:THR:CG2	1:A:90:ARG:NH1	0.41	2.84	17	1
1:A:7:ASP:HB2	1:A:42:THR:HG22	0.41	1.93	19	1
1:A:79:GLU:O	1:A:80:LEU:HD13	0.41	2.15	20	1
1:A:54:LEU:O	1:A:54:LEU:HD22	0.41	2.16	9	1
1:A:15:ILE:HG21	1:A:90:ARG:NE	0.41	2.30	14	1
1:A:19:PRO:O	1:A:20:THR:OG1	0.40	2.34	1	1
1:A:117:LEU:O	1:A:121:GLY:N	0.40	2.54	3	2
1:A:123:ASP:O	1:A:124:HIS:C	0.40	2.64	4	1
1:A:32:VAL:O	1:A:32:VAL:CG2	0.40	2.68	9	1
1:A:43:VAL:CG2	1:A:112:VAL:HG12	0.40	2.46	9	1
1:A:41:MET:CG	1:A:83:LEU:CD2	0.40	2.98	11	1
1:A:79:GLU:N	1:A:80:LEU:HD23	0.40	2.32	11	1
1:A:67:VAL:O	1:A:67:VAL:HG12	0.40	2.16	12	1
1:A:117:LEU:HB2	1:A:122:TYR:CE1	0.40	2.51	13	1
1:A:65:THR:CG2	1:A:67:VAL:O	0.40	2.69	18	1
1:A:86:LEU:HD11	1:A:115:GLY:HA3	0.40	1.93	2	1
1:A:120:LEU:C	1:A:120:LEU:CD1	0.40	2.94	3	1
1:A:58:TYR:OH	1:A:70:PHE:CE2	0.40	2.72	12	1
1:A:111:MET:CE	1:A:114:HIS:NE2	0.40	2.84	13	1
1:A:106:ALA:HB2	1:A:146:PHE:CD1	0.40	2.51	18	1
1:A:68:LEU:O	1:A:87:VAL:O	0.40	2.40	20	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:LEU:HD11	1:A:108:TRP:CH2	0.40	2.51	1	1
1:A:27:TRP:CG	1:A:105:MET:HG3	0.40	2.51	8	1
1:A:65:THR:HG22	1:A:68:LEU:N	0.40	2.31	13	1
1:A:125:ILE:HG13	1:A:128:ASP:CB	0.40	2.47	13	1
1:A:117:LEU:C	1:A:117:LEU:CD2	0.40	2.94	14	1
1:A:6:VAL:HG12	1:A:41:MET:SD	0.40	2.57	17	1
1:A:80:LEU:O	1:A:82:LEU:HD22	0.40	2.16	2	1
1:A:117:LEU:HA	1:A:121:GLY:CA	0.40	2.46	2	1
1:A:105:MET:CA	1:A:105:MET:HE3	0.40	2.47	7	1
1:A:105:MET:HE3	1:A:105:MET:N	0.40	2.32	7	1
1:A:4:VAL:O	1:A:4:VAL:CG2	0.40	2.68	18	1
1:A:5:LEU:HB3	1:A:39:VAL:C	0.40	2.42	2	1
1:A:80:LEU:N	1:A:80:LEU:HD22	0.40	2.31	2	1
1:A:139:GLN:O	1:A:143:GLY:CA	0.40	2.69	3	1
1:A:53:GLU:O	1:A:57:THR:CB	0.40	2.69	7	1
1:A:55:ASN:CB	1:A:61:LYS:HB2	0.40	2.46	7	1
1:A:78:VAL:O	1:A:80:LEU:HD23	0.40	2.16	9	1
1:A:78:VAL:O	1:A:78:VAL:HG23	0.40	2.17	9	1
1:A:53:GLU:O	1:A:57:THR:CG2	0.40	2.70	10	1
1:A:117:LEU:HB2	1:A:122:TYR:CZ	0.40	2.52	11	1
1:A:19:PRO:HB3	1:A:108:TRP:CH2	0.40	2.52	12	1
1:A:12:THR:HG21	1:A:90:ARG:CD	0.40	2.45	15	1

6.3 Torsion angles ⓘ

6.3.1 Protein backbone ⓘ

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	142/154 (92%)	105±3 (74±2%)	28±4 (20±3%)	9±2 (6±2%)	2	18
All	All	2840/3080 (92%)	2100 (74%)	556 (20%)	184 (6%)	2	18

All 33 unique Ramachandran outliers are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	64	PRO	19
1	A	62	ASP	18
1	A	47	ASP	15
1	A	75	PRO	13
1	A	124	HIS	13
1	A	130	ALA	12
1	A	61	LYS	10
1	A	125	ILE	10
1	A	19	PRO	9
1	A	78	VAL	8
1	A	63	ARG	7
1	A	122	TYR	7
1	A	73	GLU	5
1	A	17	GLY	4
1	A	67	VAL	4
1	A	77	GLU	4
1	A	39	VAL	3
1	A	145	GLY	3
1	A	20	THR	2
1	A	38	GLU	2
1	A	14	ASN	2
1	A	15	ILE	2
1	A	81	PRO	2
1	A	5	LEU	1
1	A	121	GLY	1
1	A	101	GLU	1
1	A	123	ASP	1
1	A	36	GLY	1
1	A	76	ASP	1
1	A	105	MET	1
1	A	72	PHE	1
1	A	82	LEU	1
1	A	87	VAL	1

6.3.2 Protein sidechains ⓘ

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

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
1	A	127/135 (94%)	87±4 (69±3%)	40±4 (31±3%)	1	14

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles
All	All	2540/2700 (94%)	1742 (69%)	798 (31%)	1 14

All 109 unique residues with a non-rotameric sidechain are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	29	THR	20
1	A	114	HIS	20
1	A	15	ILE	19
1	A	61	LYS	18
1	A	86	LEU	18
1	A	140	ILE	17
1	A	82	LEU	16
1	A	42	THR	14
1	A	5	LEU	14
1	A	102	LYS	13
1	A	133	MET	13
1	A	105	MET	13
1	A	8	LEU	12
1	A	21	GLU	12
1	A	45	ILE	12
1	A	54	LEU	12
1	A	59	ARG	12
1	A	63	ARG	12
1	A	80	LEU	12
1	A	16	GLU	11
1	A	10	ILE	11
1	A	62	ASP	11
1	A	90	ARG	11
1	A	83	LEU	10
1	A	119	LEU	10
1	A	125	ILE	10
1	A	22	GLU	10
1	A	58	TYR	10
1	A	120	LEU	10
1	A	7	ASP	9
1	A	69	SER	9
1	A	85	ASP	9
1	A	93	VAL	9
1	A	96	GLU	9
1	A	101	GLU	9
1	A	117	LEU	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	33	GLN	9
1	A	72	PHE	9
1	A	132	GLU	9
1	A	13	GLU	9
1	A	12	THR	9
1	A	23	GLN	8
1	A	41	MET	8
1	A	50	GLU	8
1	A	55	ASN	8
1	A	139	GLN	8
1	A	126	GLU	8
1	A	137	GLU	8
1	A	68	LEU	8
1	A	144	LEU	8
1	A	18	LEU	7
1	A	39	VAL	7
1	A	53	GLU	7
1	A	95	ARG	7
1	A	100	GLN	7
1	A	111	MET	7
1	A	77	GLU	7
1	A	3	SER	7
1	A	127	ASP	7
1	A	142	GLN	7
1	A	99	GLU	6
1	A	128	ASP	6
1	A	91	GLN	6
1	A	124	HIS	6
1	A	76	ASP	6
1	A	94	GLU	6
1	A	134	GLU	6
1	A	88	ILE	6
1	A	9	GLN	5
1	A	27	TRP	5
1	A	104	LEU	5
1	A	136	LEU	5
1	A	57	THR	5
1	A	108	TRP	5
1	A	110	HIS	4
1	A	73	GLU	4
1	A	35	GLU	4
1	A	78	VAL	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	47	ASP	4
1	A	79	GLU	4
1	A	118	HIS	4
1	A	135	SER	4
1	A	131	GLU	4
1	A	74	CYS	4
1	A	51	SER	3
1	A	20	THR	3
1	A	40	GLU	3
1	A	65	THR	3
1	A	138	THR	3
1	A	26	GLN	3
1	A	14	ASN	3
1	A	38	GLU	3
1	A	116	SER	2
1	A	122	TYR	2
1	A	48	GLU	2
1	A	44	ARG	2
1	A	129	GLU	2
1	A	146	PHE	2
1	A	4	VAL	1
1	A	70	PHE	1
1	A	98	SER	1
1	A	107	HIS	1
1	A	24	ILE	1
1	A	92	VAL	1
1	A	43	VAL	1
1	A	32	VAL	1
1	A	67	VAL	1
1	A	87	VAL	1
1	A	123	ASP	1

6.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no oligosaccharides in this entry.

6.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided