



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Oct 12, 2021 – 04:48 PM EDT

PDB ID : 2ASE
Title : NMR structure of the F28L mutant of Cdc42Hs
Authors : Adams, P.D.; Oswald, R.E.
Deposited on : 2005-08-23

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

MolProbity : 4.02b-467
Percentile statistics : 20191225.v01 (using entries in the PDB archive December 25th 2019)
RCI : v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV : Wang et al. (2010)
ShiftChecker : 2.23.2
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.23.2

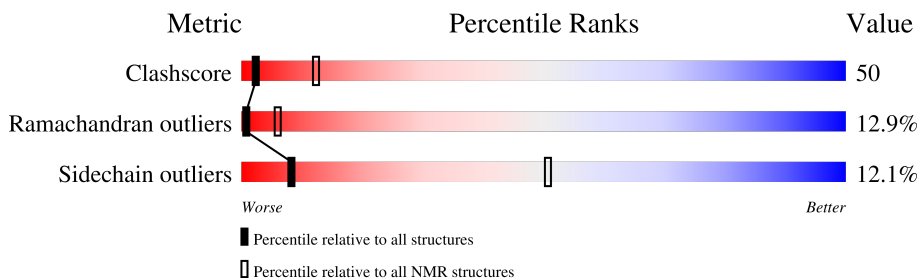
1 Overall quality at a glance

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	158937	12864
Ramachandran outliers	154571	11451
Sidechain outliers	154315	11428

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	178	

2 Ensemble composition and analysis i

This entry contains 15 models. Model 10 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *closest to the average*.

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:2-A:60, A:74-A:120, A:137-A:178 (148)	0.97	10

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

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

The models can be grouped into 4 clusters. No single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	3, 4, 5, 7, 10, 14
2	2, 6, 13, 15
3	8, 9, 12
4	1, 11

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2442 atoms, of which 1057 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Cell division control protein 42 homolog.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
			Total	C	H	N	O	S	
1	A	178	2442	890	1057	221	267	7	0

There are 2 discrepancies between the modelled and reference sequences:

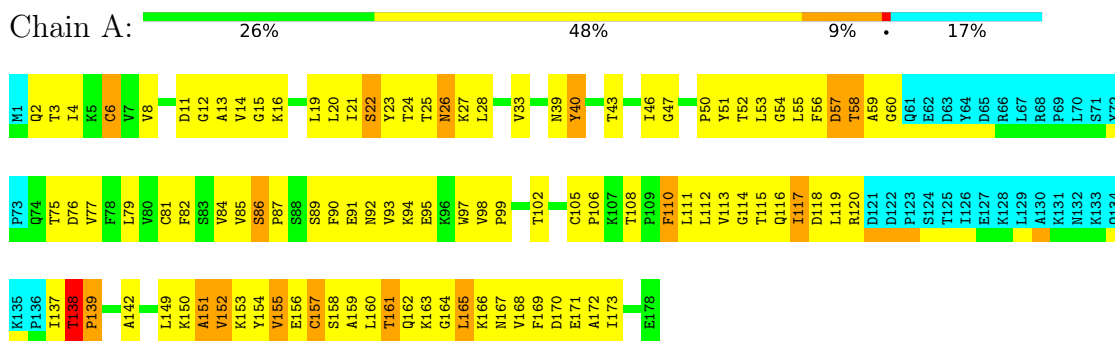
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	28	LEU	PHE	engineered mutation	UNP P60953
A	163	LYS	ARG	variant	UNP P60953

4 Residue-property plots [i](#)

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: Cell division control protein 42 homolog

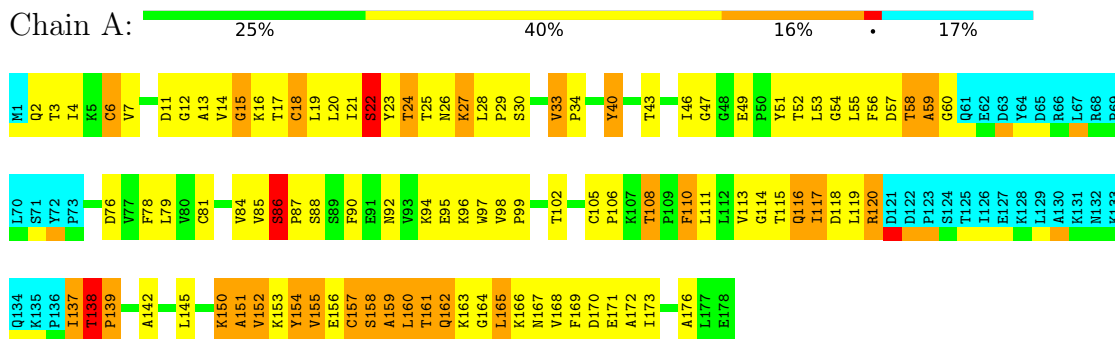


4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

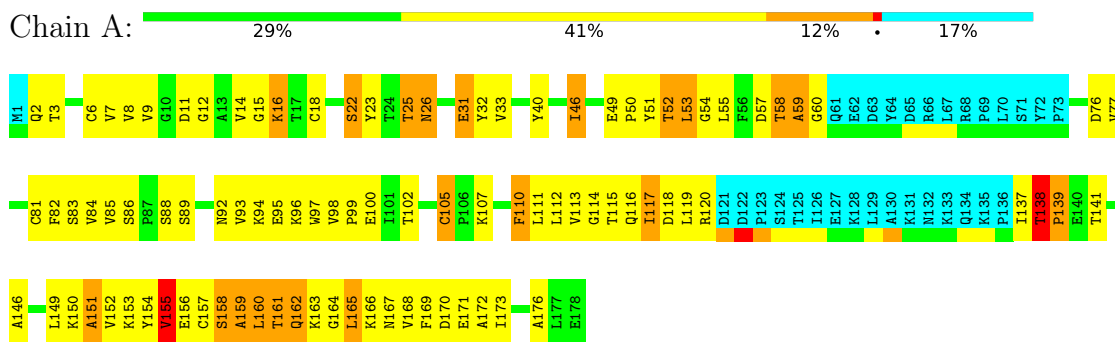
4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



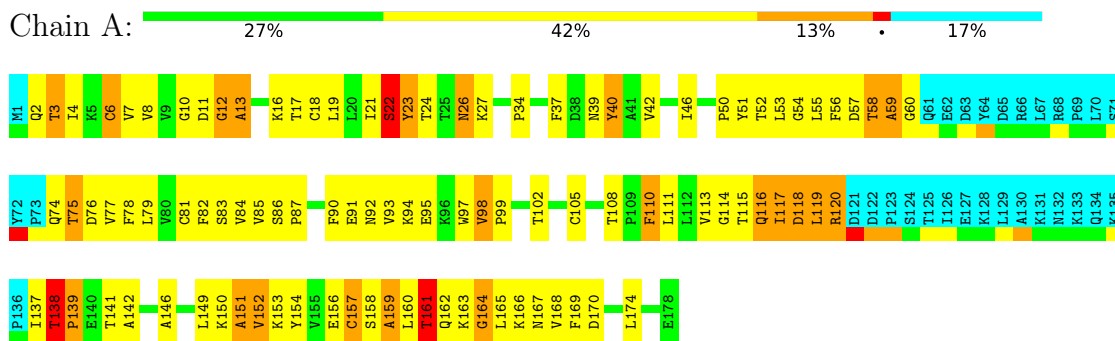
4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



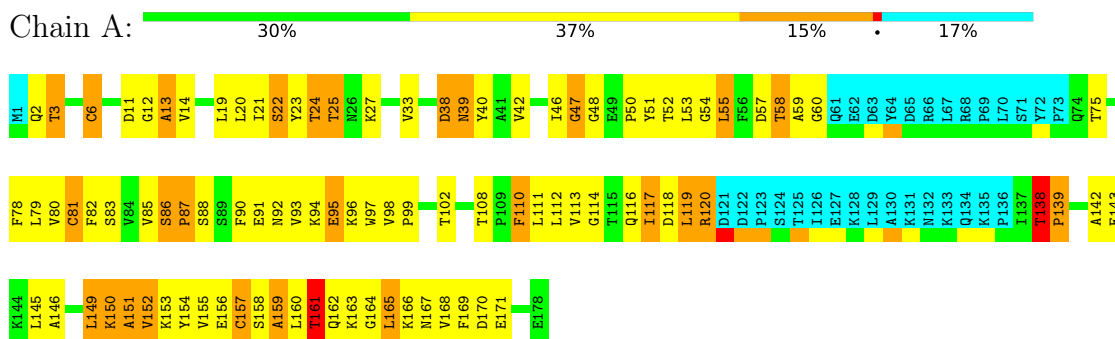
4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



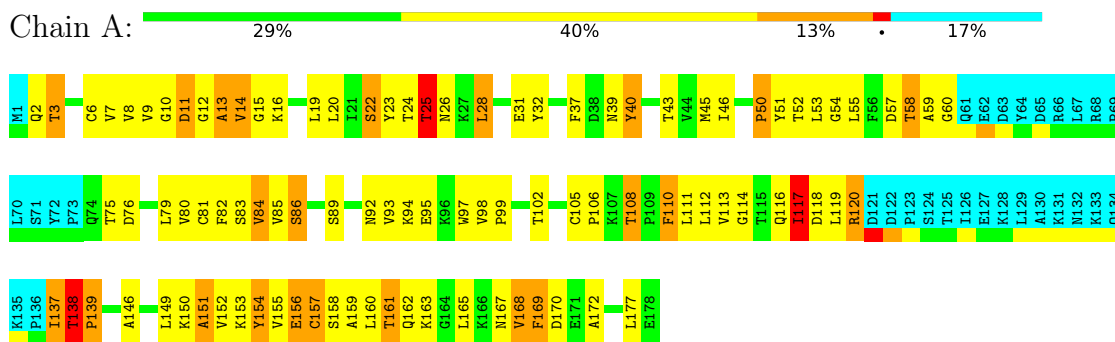
4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



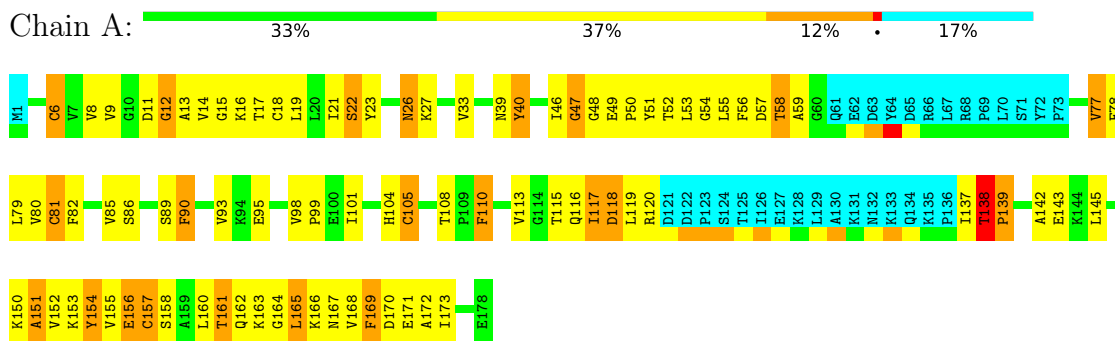
4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



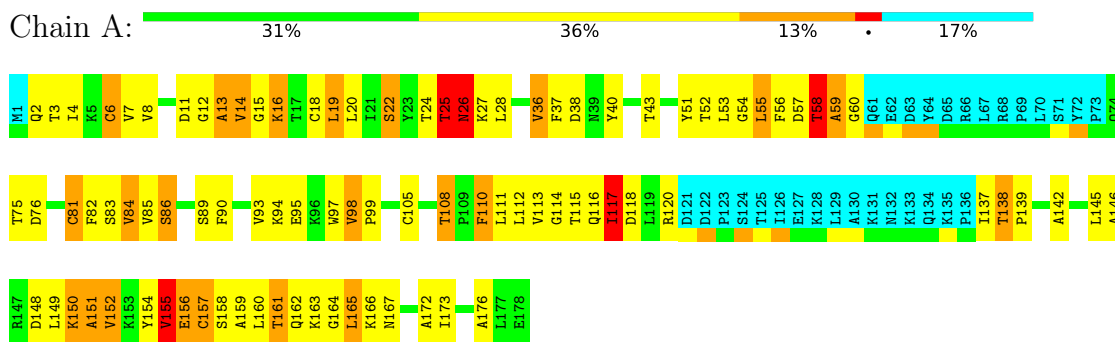
4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



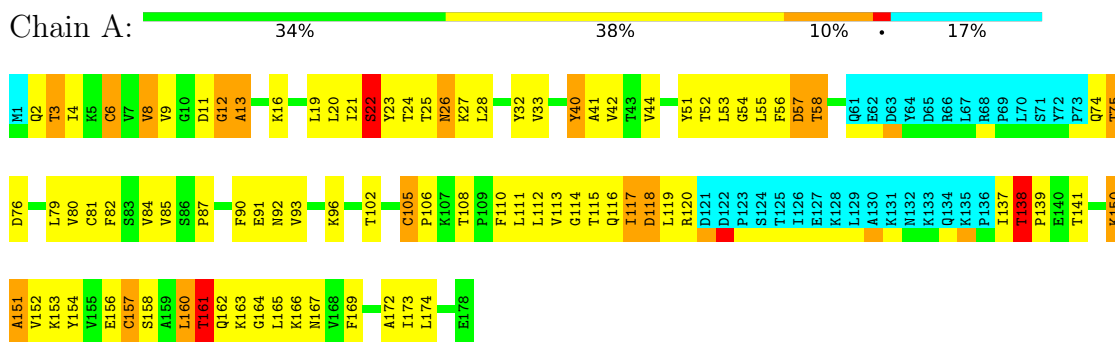
4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



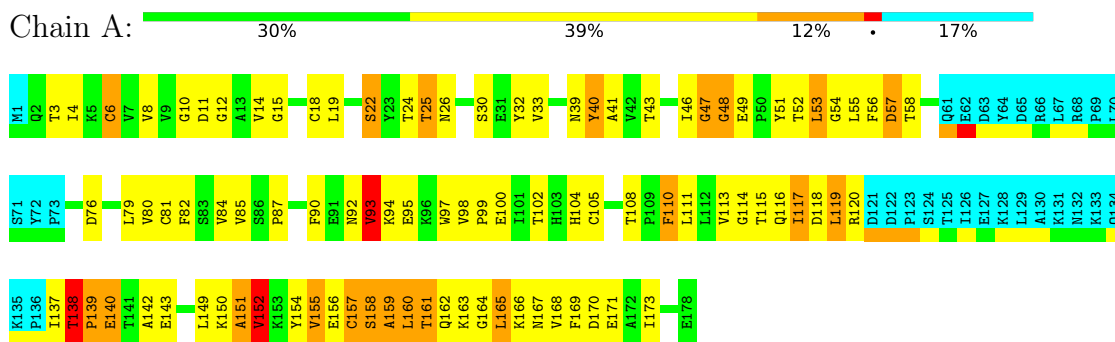
4.2.10 Score per residue for model 10 (medoid)

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



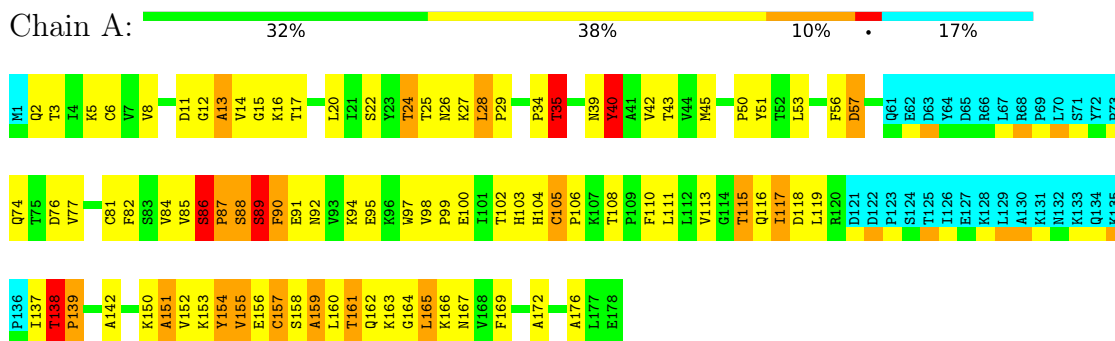
4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



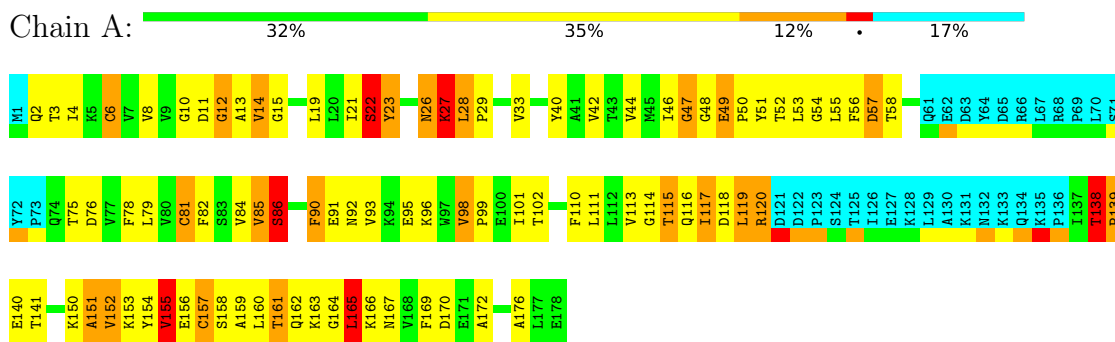
4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



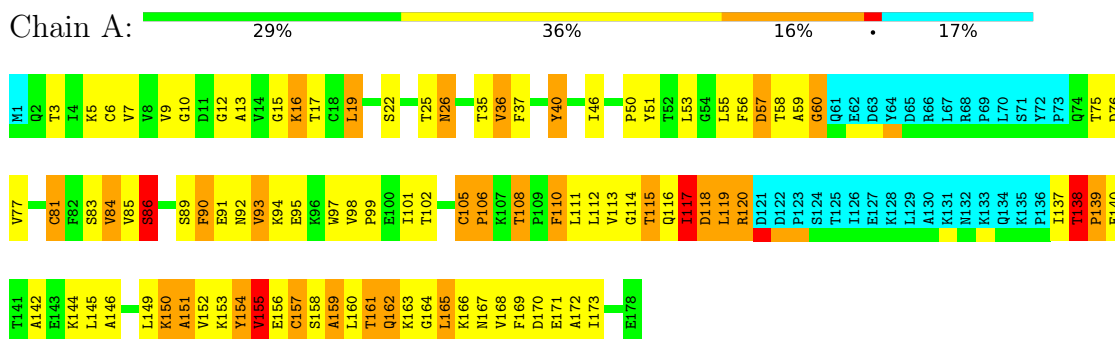
4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



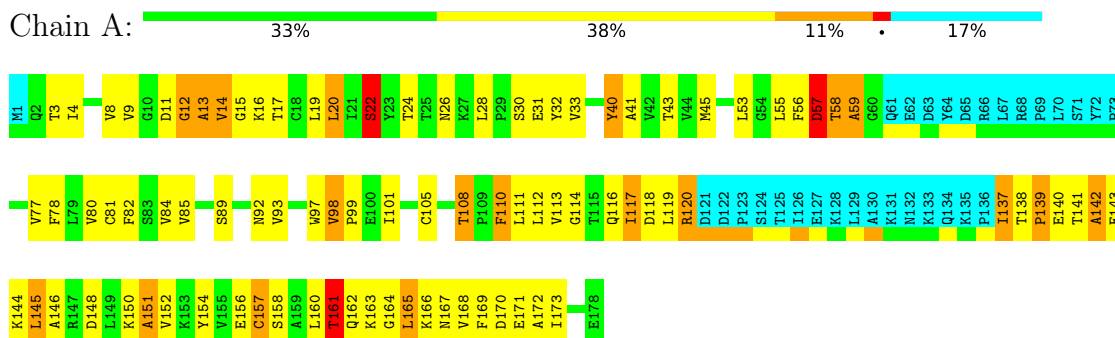
4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: Cell division control protein 42 homolog



5 Refinement protocol and experimental data overview

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

Of the 100 calculated structures, 15 were deposited, based on the following criterion: *structures with the least restraint violations, structures with the lowest energy*.

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

Software name	Classification	Version
XPLOR-NIH	refinement	2.9.0

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	1135	841	1156	114±9
All	All	17025	12615	17340	1706

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 50.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:116:GLN:O	1:A:118:ASP:N	0.92	2.02	6	3
1:A:19:LEU:HD13	1:A:157:CYS:SG	0.90	2.07	14	1
1:A:21:ILE:HD12	1:A:26:ASN:HD22	0.89	1.25	1	1
1:A:82:PHE:CG	1:A:93:VAL:HG11	0.87	2.02	7	2
1:A:160:LEU:O	1:A:162:GLN:N	0.87	2.07	13	15
1:A:53:LEU:HD22	1:A:53:LEU:N	0.85	1.86	2	3
1:A:117:ILE:HG23	1:A:118:ASP:N	0.84	1.88	9	11
1:A:89:SER:O	1:A:93:VAL:HG22	0.84	1.72	2	1
1:A:138:THR:O	1:A:142:ALA:HB3	0.83	1.73	4	4
1:A:98:VAL:O	1:A:102:THR:HG23	0.83	1.73	1	2
1:A:137:ILE:HG22	1:A:138:THR:N	0.80	1.91	15	1
1:A:84:VAL:HG13	1:A:85:VAL:H	0.80	1.36	13	1
1:A:6:CYS:SG	1:A:79:LEU:HD22	0.80	2.17	7	4
1:A:117:ILE:HG23	1:A:119:LEU:H	0.80	1.35	15	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:18:CYS:SG	1:A:28:LEU:HD23	0.80	2.16	8	1
1:A:89:SER:O	1:A:93:VAL:HG23	0.79	1.77	15	3
1:A:4:ILE:HD11	1:A:76:ASP:OD2	0.79	1.75	1	6
1:A:82:PHE:CD1	1:A:93:VAL:HG11	0.79	2.13	11	1
1:A:55:LEU:H	1:A:55:LEU:HD12	0.79	1.37	8	1
1:A:53:LEU:HD22	1:A:172:ALA:CB	0.78	2.09	13	3
1:A:55:LEU:HD12	1:A:55:LEU:N	0.78	1.94	8	3
1:A:19:LEU:HD12	1:A:157:CYS:SG	0.78	2.19	11	5
1:A:53:LEU:HD22	1:A:172:ALA:HB1	0.78	1.54	13	1
1:A:6:CYS:SG	1:A:79:LEU:HD13	0.78	2.19	3	4
1:A:53:LEU:HD13	1:A:172:ALA:HB1	0.77	1.54	7	7
1:A:19:LEU:HD11	1:A:113:VAL:HG12	0.76	1.57	5	1
1:A:51:TYR:CD1	1:A:173:ILE:HD11	0.76	2.15	10	1
1:A:14:VAL:HG23	1:A:15:GLY:H	0.76	1.41	13	3
1:A:19:LEU:HD22	1:A:81:CYS:SG	0.76	2.19	11	3
1:A:18:CYS:SG	1:A:33:VAL:HG23	0.75	2.21	11	1
1:A:110:PHE:CD1	1:A:110:PHE:N	0.75	2.54	7	11
1:A:156:GLU:O	1:A:161:THR:OG1	0.75	2.04	8	10
1:A:21:ILE:HD12	1:A:26:ASN:ND2	0.74	1.97	1	1
1:A:85:VAL:O	1:A:85:VAL:HG22	0.74	1.82	2	4
1:A:19:LEU:HD12	1:A:19:LEU:O	0.73	1.83	14	2
1:A:155:VAL:HG22	1:A:156:GLU:H	0.73	1.43	1	3
1:A:137:ILE:HG22	1:A:138:THR:H	0.73	1.42	15	1
1:A:84:VAL:O	1:A:84:VAL:HG12	0.72	1.84	11	5
1:A:112:LEU:HD22	1:A:146:ALA:HB2	0.72	1.61	14	3
1:A:53:LEU:HD22	1:A:172:ALA:HB2	0.71	1.60	1	2
1:A:164:GLY:O	1:A:167:ASN:N	0.71	2.22	14	14
1:A:157:CYS:SG	1:A:165:LEU:HD12	0.71	2.25	1	4
1:A:138:THR:H	1:A:139:PRO:CD	0.71	1.99	8	8
1:A:56:PHE:O	1:A:57:ASP:O	0.71	2.08	12	6
1:A:23:TYR:CZ	1:A:169:PHE:CZ	0.71	2.79	6	2
1:A:17:THR:HG21	1:A:34:PRO:O	0.70	1.86	3	1
1:A:84:VAL:HG22	1:A:84:VAL:O	0.70	1.85	3	2
1:A:161:THR:C	1:A:163:LYS:H	0.70	1.90	2	15
1:A:8:VAL:HG11	1:A:57:ASP:OD1	0.70	1.87	11	1
1:A:20:LEU:HD21	1:A:56:PHE:O	0.70	1.87	1	1
1:A:164:GLY:O	1:A:166:LYS:N	0.70	2.25	8	14
1:A:22:SER:CB	1:A:165:LEU:HD13	0.69	2.17	12	2
1:A:117:ILE:N	1:A:158:SER:OG	0.69	2.26	2	1
1:A:76:ASP:OD1	1:A:77:VAL:HG23	0.69	1.86	14	1
1:A:20:LEU:HD12	1:A:20:LEU:O	0.69	1.87	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:TYR:CD1	1:A:169:PHE:CE1	0.69	2.80	3	3
1:A:87:PRO:O	1:A:89:SER:N	0.69	2.25	9	1
1:A:86:SER:O	1:A:88:SER:N	0.69	2.25	9	4
1:A:82:PHE:CD1	1:A:93:VAL:HG21	0.69	2.23	8	1
1:A:170:ASP:O	1:A:173:ILE:HG22	0.69	1.87	9	3
1:A:20:LEU:CD1	1:A:55:LEU:HD12	0.69	2.17	4	1
1:A:117:ILE:HG23	1:A:118:ASP:H	0.68	1.44	9	9
1:A:10:GLY:N	1:A:16:LYS:NZ	0.68	2.41	3	1
1:A:84:VAL:HG13	1:A:85:VAL:N	0.68	2.02	13	1
1:A:154:TYR:CD1	1:A:154:TYR:N	0.68	2.61	1	4
1:A:20:LEU:HD12	1:A:20:LEU:C	0.68	2.09	7	1
1:A:20:LEU:HD22	1:A:57:ASP:OD2	0.68	1.88	4	1
1:A:150:LYS:O	1:A:151:ALA:HB2	0.67	1.90	14	9
1:A:155:VAL:HG13	1:A:156:GLU:N	0.67	2.03	13	3
1:A:19:LEU:HD12	1:A:19:LEU:C	0.67	2.09	8	2
1:A:155:VAL:O	1:A:155:VAL:HG23	0.67	1.89	6	2
1:A:117:ILE:HG23	1:A:119:LEU:N	0.67	2.05	2	5
1:A:19:LEU:HD11	1:A:113:VAL:CG1	0.66	2.19	5	2
1:A:19:LEU:O	1:A:165:LEU:HD13	0.66	1.90	6	1
1:A:12:GLY:O	1:A:13:ALA:HB2	0.66	1.91	7	3
1:A:117:ILE:CD1	1:A:160:LEU:HD23	0.66	2.19	13	3
1:A:84:VAL:HG11	1:A:156:GLU:OE2	0.66	1.91	2	1
1:A:81:CYS:O	1:A:93:VAL:HG21	0.66	1.90	4	2
1:A:23:TYR:CE2	1:A:169:PHE:CZ	0.66	2.83	6	1
1:A:58:THR:HG23	1:A:59:ALA:H	0.66	1.49	1	1
1:A:90:PHE:CZ	1:A:145:LEU:HD22	0.66	2.25	1	1
1:A:45:MET:SD	1:A:45:MET:N	0.66	2.69	5	2
1:A:170:ASP:OD1	1:A:171:GLU:N	0.65	2.30	6	3
1:A:4:ILE:O	1:A:53:LEU:HD12	0.65	1.91	15	2
1:A:7:VAL:O	1:A:9:VAL:HG23	0.65	1.92	5	2
1:A:23:TYR:CD1	1:A:24:THR:N	0.65	2.64	3	2
1:A:12:GLY:O	1:A:13:ALA:HB3	0.65	1.91	8	2
1:A:20:LEU:C	1:A:20:LEU:HD12	0.65	2.12	15	1
1:A:23:TYR:CZ	1:A:169:PHE:CE1	0.65	2.85	5	2
1:A:116:GLN:NE2	1:A:120:ARG:HH21	0.65	1.90	6	1
1:A:53:LEU:N	1:A:53:LEU:CD2	0.65	2.60	2	3
1:A:58:THR:O	1:A:59:ALA:HB3	0.65	1.91	2	1
1:A:23:TYR:CE1	1:A:169:PHE:CZ	0.65	2.85	5	1
1:A:58:THR:O	1:A:59:ALA:HB2	0.64	1.92	8	2
1:A:58:THR:OG1	1:A:59:ALA:N	0.64	2.29	5	3
1:A:158:SER:O	1:A:160:LEU:N	0.64	2.30	1	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:14:VAL:HG23	1:A:15:GLY:N	0.64	2.07	5	2
1:A:141:THR:O	1:A:143:GLU:N	0.64	2.31	15	1
1:A:16:LYS:NZ	1:A:59:ALA:H	0.64	1.91	15	1
1:A:54:GLY:C	1:A:55:LEU:HD12	0.64	2.13	2	1
1:A:98:VAL:N	1:A:99:PRO:CD	0.63	2.60	12	5
1:A:40:TYR:CB	1:A:55:LEU:H	0.63	2.06	15	2
1:A:116:GLN:HE22	1:A:120:ARG:HH21	0.63	1.35	6	1
1:A:5:LYS:O	1:A:75:THR:HG23	0.63	1.93	14	1
1:A:111:LEU:HD12	1:A:111:LEU:N	0.63	2.08	11	11
1:A:40:TYR:CG	1:A:41:ALA:N	0.63	2.65	11	1
1:A:58:THR:HG23	1:A:59:ALA:N	0.63	2.08	1	1
1:A:137:ILE:HG23	1:A:137:ILE:O	0.63	1.93	8	7
1:A:138:THR:N	1:A:139:PRO:CD	0.63	2.62	8	7
1:A:85:VAL:O	1:A:85:VAL:HG12	0.63	1.93	11	2
1:A:23:TYR:CE2	1:A:169:PHE:CE1	0.62	2.87	5	1
1:A:117:ILE:CG2	1:A:118:ASP:N	0.62	2.62	4	10
1:A:154:TYR:CD2	1:A:154:TYR:O	0.62	2.53	11	5
1:A:92:ASN:O	1:A:97:TRP:CD1	0.62	2.52	14	6
1:A:27:LYS:H	1:A:162:GLN:NE2	0.62	1.92	4	2
1:A:113:VAL:HG13	1:A:155:VAL:O	0.62	1.94	4	1
1:A:22:SER:CB	1:A:165:LEU:HD12	0.62	2.24	13	1
1:A:78:PHE:CE2	1:A:105:CYS:SG	0.62	2.87	15	1
1:A:27:LYS:NZ	1:A:162:GLN:HE22	0.62	1.92	6	1
1:A:82:PHE:CD2	1:A:93:VAL:HG11	0.62	2.30	7	1
1:A:79:LEU:HD12	1:A:79:LEU:N	0.62	2.09	4	5
1:A:108:THR:O	1:A:110:PHE:CE2	0.62	2.53	15	5
1:A:104:HIS:ND1	1:A:105:CYS:SG	0.62	2.69	6	1
1:A:14:VAL:O	1:A:16:LYS:N	0.62	2.29	12	3
1:A:138:THR:O	1:A:141:THR:N	0.62	2.33	15	1
1:A:43:THR:HG23	1:A:43:THR:O	0.62	1.94	1	5
1:A:154:TYR:O	1:A:154:TYR:CG	0.62	2.52	15	6
1:A:6:CYS:HG	1:A:79:LEU:HD13	0.61	1.55	1	3
1:A:15:GLY:O	1:A:17:THR:N	0.61	2.33	14	1
1:A:159:ALA:H	1:A:162:GLN:NE2	0.61	1.93	2	1
1:A:82:PHE:CG	1:A:82:PHE:O	0.61	2.53	4	3
1:A:78:PHE:CZ	1:A:105:CYS:SG	0.61	2.93	15	1
1:A:113:VAL:HG12	1:A:114:GLY:N	0.61	2.11	1	6
1:A:161:THR:O	1:A:163:LYS:N	0.61	2.34	1	3
1:A:46:ILE:O	1:A:48:GLY:N	0.61	2.34	11	4
1:A:19:LEU:CD2	1:A:81:CYS:SG	0.61	2.88	3	2
1:A:57:ASP:C	1:A:58:THR:HG23	0.61	2.16	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:94:LYS:O	1:A:149:LEU:HD21	0.61	1.95	14	1
1:A:139:PRO:O	1:A:141:THR:N	0.61	2.33	13	1
1:A:40:TYR:O	1:A:40:TYR:CD2	0.61	2.54	4	3
1:A:161:THR:O	1:A:164:GLY:N	0.61	2.33	7	1
1:A:7:VAL:HG12	1:A:75:THR:HG21	0.61	1.72	8	1
1:A:55:LEU:N	1:A:55:LEU:CD1	0.61	2.60	8	1
1:A:6:CYS:SG	1:A:55:LEU:HD23	0.61	2.35	1	3
1:A:8:VAL:CG1	1:A:81:CYS:SG	0.61	2.89	13	2
1:A:120:ARG:NE	1:A:158:SER:OG	0.61	2.34	6	1
1:A:117:ILE:HG22	1:A:156:GLU:O	0.61	1.95	11	1
1:A:28:LEU:O	1:A:30:SER:N	0.61	2.34	1	1
1:A:116:GLN:O	1:A:117:ILE:O	0.60	2.19	4	12
1:A:110:PHE:CE1	1:A:150:LYS:O	0.60	2.54	11	2
1:A:11:ASP:O	1:A:13:ALA:N	0.60	2.33	6	5
1:A:82:PHE:CD1	1:A:113:VAL:O	0.60	2.54	3	1
1:A:26:ASN:HD22	1:A:26:ASN:N	0.60	1.94	8	1
1:A:36:VAL:HG13	1:A:37:PHE:N	0.60	2.11	8	1
1:A:82:PHE:CD2	1:A:82:PHE:O	0.60	2.54	3	2
1:A:10:GLY:O	1:A:97:TRP:CZ2	0.60	2.54	9	3
1:A:56:PHE:CD2	1:A:56:PHE:O	0.60	2.55	14	2
1:A:116:GLN:N	1:A:158:SER:OG	0.60	2.35	11	2
1:A:168:VAL:O	1:A:171:GLU:N	0.60	2.34	7	7
1:A:56:PHE:O	1:A:56:PHE:CD2	0.60	2.54	12	3
1:A:146:ALA:HB1	1:A:151:ALA:CB	0.60	2.27	15	1
1:A:90:PHE:CG	1:A:91:GLU:N	0.60	2.70	9	6
1:A:32:TYR:CE2	1:A:33:VAL:O	0.60	2.55	7	2
1:A:117:ILE:CG2	1:A:120:ARG:H	0.60	2.10	8	1
1:A:161:THR:C	1:A:163:LYS:N	0.60	2.55	7	11
1:A:50:PRO:O	1:A:51:TYR:CG	0.60	2.53	3	9
1:A:21:ILE:HG22	1:A:21:ILE:O	0.60	1.95	9	3
1:A:138:THR:O	1:A:140:GLU:N	0.60	2.35	15	1
1:A:154:TYR:O	1:A:154:TYR:CD2	0.60	2.54	15	1
1:A:167:ASN:O	1:A:170:ASP:N	0.60	2.35	5	1
1:A:15:GLY:CA	1:A:115:THR:OG1	0.60	2.50	1	1
1:A:108:THR:O	1:A:110:PHE:CZ	0.60	2.54	5	4
1:A:11:ASP:OD2	1:A:92:ASN:ND2	0.60	2.35	3	1
1:A:116:GLN:O	1:A:119:LEU:N	0.60	2.35	4	2
1:A:138:THR:O	1:A:139:PRO:O	0.60	2.20	13	1
1:A:19:LEU:O	1:A:165:LEU:HD23	0.59	1.97	7	2
1:A:16:LYS:NZ	1:A:59:ALA:O	0.59	2.35	9	1
1:A:89:SER:O	1:A:91:GLU:N	0.59	2.35	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:87:PRO:O	1:A:90:PHE:CE1	0.59	2.55	3	3
1:A:117:ILE:O	1:A:118:ASP:CB	0.59	2.50	14	2
1:A:39:ASN:O	1:A:40:TYR:CD2	0.59	2.55	12	1
1:A:116:GLN:HE22	1:A:120:ARG:NH2	0.59	1.95	6	2
1:A:25:THR:O	1:A:25:THR:HG22	0.59	1.97	1	1
1:A:160:LEU:C	1:A:162:GLN:N	0.59	2.56	7	10
1:A:24:THR:O	1:A:25:THR:CB	0.59	2.50	11	2
1:A:26:ASN:ND2	1:A:162:GLN:OE1	0.59	2.36	12	1
1:A:113:VAL:CG1	1:A:157:CYS:SG	0.59	2.90	14	3
1:A:148:ASP:OD1	1:A:149:LEU:N	0.59	2.35	8	1
1:A:50:PRO:O	1:A:51:TYR:CD1	0.59	2.56	13	4
1:A:177:LEU:HD12	1:A:177:LEU:N	0.59	2.12	5	1
1:A:85:VAL:CG1	1:A:119:LEU:N	0.59	2.66	9	1
1:A:26:ASN:ND2	1:A:159:ALA:HB2	0.59	2.12	11	1
1:A:94:LYS:NZ	1:A:112:LEU:HD21	0.59	2.12	9	3
1:A:99:PRO:O	1:A:103:HIS:ND1	0.59	2.36	12	1
1:A:27:LYS:H	1:A:162:GLN:HE22	0.59	1.39	4	2
1:A:158:SER:C	1:A:160:LEU:N	0.59	2.56	9	12
1:A:16:LYS:NZ	1:A:59:ALA:HB3	0.59	2.13	6	1
1:A:153:LYS:NZ	1:A:171:GLU:OE1	0.59	2.34	14	2
1:A:18:CYS:O	1:A:162:GLN:NE2	0.59	2.36	2	1
1:A:23:TYR:C	1:A:25:THR:N	0.58	2.57	1	2
1:A:27:LYS:N	1:A:162:GLN:HE22	0.58	1.95	3	1
1:A:145:LEU:N	1:A:145:LEU:CD2	0.58	2.66	6	1
1:A:28:LEU:H	1:A:159:ALA:HB1	0.58	1.57	8	1
1:A:26:ASN:OD1	1:A:162:GLN:NE2	0.58	2.36	13	2
1:A:83:SER:OG	1:A:85:VAL:HG12	0.58	1.98	3	2
1:A:84:VAL:HG23	1:A:137:ILE:O	0.58	1.97	3	1
1:A:7:VAL:HG23	1:A:75:THR:OG1	0.58	1.97	5	2
1:A:110:PHE:CE1	1:A:151:ALA:HB2	0.58	2.32	10	3
1:A:157:CYS:O	1:A:157:CYS:SG	0.58	2.60	9	1
1:A:150:LYS:O	1:A:151:ALA:CB	0.58	2.50	13	10
1:A:27:LYS:H	1:A:162:GLN:HE21	0.58	1.41	7	1
1:A:7:VAL:HG23	1:A:75:THR:HG21	0.58	1.75	14	1
1:A:11:ASP:OD1	1:A:12:GLY:N	0.58	2.35	7	2
1:A:118:ASP:N	1:A:118:ASP:OD1	0.58	2.36	10	2
1:A:3:THR:HG22	1:A:52:THR:HG22	0.58	1.73	7	1
1:A:8:VAL:HG11	1:A:58:THR:O	0.58	1.97	2	1
1:A:139:PRO:C	1:A:141:THR:H	0.58	2.02	13	1
1:A:92:ASN:O	1:A:96:LYS:N	0.58	2.37	4	6
1:A:110:PHE:O	1:A:152:VAL:N	0.58	2.36	14	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:118:ASP:O	1:A:119:LEU:CB	0.58	2.51	4	3
1:A:156:GLU:O	1:A:161:THR:HG21	0.58	1.98	12	1
1:A:23:TYR:O	1:A:25:THR:N	0.58	2.36	1	2
1:A:80:VAL:CG1	1:A:93:VAL:CG1	0.58	2.81	15	5
1:A:174:LEU:N	1:A:174:LEU:HD22	0.58	2.13	3	1
1:A:79:LEU:C	1:A:79:LEU:HD23	0.58	2.19	11	2
1:A:77:VAL:CG1	1:A:111:LEU:HD13	0.58	2.29	2	3
1:A:145:LEU:N	1:A:145:LEU:HD22	0.58	2.13	6	1
1:A:117:ILE:CG1	1:A:120:ARG:H	0.58	2.12	11	1
1:A:17:THR:O	1:A:20:LEU:N	0.58	2.37	1	1
1:A:85:VAL:O	1:A:86:SER:CB	0.58	2.52	4	5
1:A:82:PHE:HB3	1:A:93:VAL:HG21	0.57	1.76	15	1
1:A:8:VAL:HG13	1:A:8:VAL:O	0.57	1.99	2	2
1:A:92:ASN:O	1:A:97:TRP:NE1	0.57	2.37	5	1
1:A:10:GLY:O	1:A:12:GLY:N	0.57	2.35	14	2
1:A:174:LEU:HD12	1:A:174:LEU:N	0.57	2.14	10	1
1:A:22:SER:OG	1:A:23:TYR:N	0.57	2.35	10	3
1:A:153:LYS:O	1:A:154:TYR:CD2	0.57	2.57	5	2
1:A:116:GLN:N	1:A:158:SER:CB	0.57	2.67	10	2
1:A:153:LYS:C	1:A:154:TYR:CG	0.57	2.77	5	8
1:A:23:TYR:CE1	1:A:169:PHE:CE1	0.57	2.92	6	2
1:A:110:PHE:H	1:A:152:VAL:HG23	0.57	1.59	15	4
1:A:53:LEU:HD13	1:A:172:ALA:CB	0.57	2.29	12	3
1:A:16:LYS:H	1:A:16:LYS:CD	0.57	2.11	8	2
1:A:58:THR:HG22	1:A:59:ALA:N	0.57	2.15	2	1
1:A:12:GLY:O	1:A:13:ALA:CB	0.57	2.52	10	5
1:A:58:THR:HG22	1:A:59:ALA:H	0.57	1.59	2	2
1:A:117:ILE:CD1	1:A:161:THR:OG1	0.57	2.52	6	2
1:A:117:ILE:CG2	1:A:119:LEU:H	0.56	2.11	15	5
1:A:17:THR:HG21	1:A:33:VAL:CG1	0.56	2.30	15	1
1:A:119:LEU:O	1:A:120:ARG:C	0.56	2.43	1	9
1:A:20:LEU:HD12	1:A:55:LEU:HD12	0.56	1.78	4	1
1:A:104:HIS:O	1:A:105:CYS:SG	0.56	2.63	11	1
1:A:87:PRO:O	1:A:88:SER:CB	0.56	2.52	12	1
1:A:82:PHE:O	1:A:115:THR:N	0.56	2.38	13	1
1:A:145:LEU:O	1:A:145:LEU:HD13	0.56	1.99	15	1
1:A:19:LEU:O	1:A:157:CYS:SG	0.56	2.63	5	1
1:A:89:SER:O	1:A:93:VAL:CG2	0.56	2.54	6	2
1:A:17:THR:O	1:A:19:LEU:N	0.56	2.37	1	1
1:A:116:GLN:O	1:A:117:ILE:C	0.56	2.44	1	14
1:A:164:GLY:C	1:A:166:LYS:N	0.56	2.59	1	14

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:THR:OG1	1:A:26:ASN:N	0.56	2.35	7	1
1:A:33:VAL:HG22	1:A:33:VAL:O	0.56	2.00	1	1
1:A:6:CYS:SG	1:A:54:GLY:O	0.56	2.64	11	2
1:A:57:ASP:O	1:A:58:THR:HG22	0.56	2.01	5	1
1:A:116:GLN:C	1:A:118:ASP:N	0.56	2.59	8	2
1:A:113:VAL:CG1	1:A:114:GLY:N	0.56	2.69	2	4
1:A:154:TYR:C	1:A:155:VAL:HG22	0.55	2.21	2	2
1:A:156:GLU:H	1:A:156:GLU:CD	0.55	2.04	6	1
1:A:156:GLU:CD	1:A:156:GLU:N	0.55	2.59	6	1
1:A:14:VAL:HG23	1:A:81:CYS:SG	0.55	2.41	12	1
1:A:51:TYR:CE1	1:A:169:PHE:O	0.55	2.59	1	1
1:A:10:GLY:N	1:A:16:LYS:HZ3	0.55	1.99	3	1
1:A:153:LYS:O	1:A:154:TYR:CG	0.55	2.59	3	2
1:A:94:LYS:HZ3	1:A:112:LEU:HD11	0.55	1.59	4	1
1:A:162:GLN:NE2	1:A:163:LYS:N	0.55	2.54	9	1
1:A:58:THR:O	1:A:59:ALA:CB	0.55	2.54	2	3
1:A:40:TYR:CB	1:A:55:LEU:O	0.55	2.55	14	4
1:A:110:PHE:CE1	1:A:151:ALA:CB	0.55	2.90	13	3
1:A:85:VAL:O	1:A:85:VAL:HG13	0.55	2.01	13	1
1:A:120:ARG:CD	1:A:120:ARG:N	0.55	2.69	15	1
1:A:160:LEU:C	1:A:162:GLN:H	0.55	2.05	7	7
1:A:22:SER:O	1:A:26:ASN:N	0.55	2.40	15	4
1:A:174:LEU:N	1:A:174:LEU:CD2	0.55	2.69	3	1
1:A:116:GLN:HE22	1:A:120:ARG:CZ	0.55	2.14	9	1
1:A:156:GLU:O	1:A:161:THR:CG2	0.55	2.54	12	1
1:A:53:LEU:HD23	1:A:169:PHE:CD2	0.55	2.36	5	1
1:A:156:GLU:N	1:A:156:GLU:CD	0.55	2.60	5	2
1:A:137:ILE:HG22	1:A:141:THR:OG1	0.55	2.00	3	1
1:A:57:ASP:C	1:A:58:THR:HG22	0.55	2.22	5	1
1:A:40:TYR:CB	1:A:56:PHE:CE1	0.55	2.90	6	1
1:A:79:LEU:HD23	1:A:80:VAL:N	0.55	2.17	11	1
1:A:137:ILE:CG2	1:A:138:THR:H	0.55	2.08	15	1
1:A:4:ILE:HD12	1:A:176:ALA:HA	0.55	1.78	7	1
1:A:53:LEU:HD21	1:A:169:PHE:CD2	0.55	2.36	11	1
1:A:8:VAL:HG22	1:A:79:LEU:HB3	0.55	1.79	13	1
1:A:84:VAL:CG1	1:A:137:ILE:O	0.55	2.55	14	1
1:A:95:GLU:O	1:A:99:PRO:CD	0.55	2.55	6	12
1:A:83:SER:O	1:A:85:VAL:N	0.55	2.40	5	1
1:A:90:PHE:C	1:A:90:PHE:CD1	0.55	2.80	13	1
1:A:115:THR:O	1:A:117:ILE:N	0.54	2.39	1	3
1:A:8:VAL:CG1	1:A:57:ASP:OD1	0.54	2.55	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:138:THR:C	1:A:142:ALA:HB3	0.54	2.22	11	2
1:A:84:VAL:HG21	1:A:156:GLU:CB	0.54	2.33	10	1
1:A:139:PRO:C	1:A:141:THR:N	0.54	2.59	13	1
1:A:14:VAL:HG12	1:A:116:GLN:OE1	0.54	2.02	4	1
1:A:12:GLY:O	1:A:13:ALA:O	0.54	2.26	15	3
1:A:156:GLU:O	1:A:161:THR:CB	0.54	2.55	10	6
1:A:57:ASP:O	1:A:58:THR:CB	0.54	2.54	10	3
1:A:46:ILE:HG21	1:A:170:ASP:CG	0.54	2.23	2	1
1:A:40:TYR:CG	1:A:55:LEU:O	0.54	2.60	2	1
1:A:2:GLN:O	1:A:176:ALA:CB	0.54	2.55	8	2
1:A:11:ASP:OD1	1:A:97:TRP:NE1	0.54	2.36	8	1
1:A:40:TYR:CB	1:A:55:LEU:N	0.54	2.70	15	1
1:A:6:CYS:SG	1:A:7:VAL:N	0.54	2.81	9	4
1:A:85:VAL:O	1:A:85:VAL:CG2	0.54	2.56	6	3
1:A:93:VAL:HG13	1:A:94:LYS:H	0.54	1.63	7	2
1:A:39:ASN:C	1:A:40:TYR:CG	0.54	2.79	12	1
1:A:95:GLU:O	1:A:99:PRO:CG	0.54	2.55	8	3
1:A:155:VAL:HG22	1:A:161:THR:CG2	0.54	2.32	14	1
1:A:153:LYS:O	1:A:154:TYR:CD1	0.53	2.61	4	2
1:A:25:THR:O	1:A:26:ASN:CB	0.53	2.56	10	2
1:A:84:VAL:O	1:A:137:ILE:HG22	0.53	2.03	9	1
1:A:117:ILE:H	1:A:158:SER:HB3	0.53	1.63	1	1
1:A:94:LYS:O	1:A:98:VAL:CG2	0.53	2.56	5	2
1:A:94:LYS:HZ3	1:A:112:LEU:HD21	0.53	1.64	9	1
1:A:137:ILE:O	1:A:137:ILE:CG1	0.53	2.56	12	1
1:A:145:LEU:HD12	1:A:145:LEU:N	0.53	2.17	4	2
1:A:8:VAL:CG2	1:A:56:PHE:O	0.53	2.56	6	1
1:A:77:VAL:O	1:A:79:LEU:CD1	0.53	2.56	6	1
1:A:20:LEU:O	1:A:22:SER:N	0.53	2.41	10	1
1:A:10:GLY:O	1:A:97:TRP:CE2	0.53	2.62	9	1
1:A:19:LEU:C	1:A:19:LEU:CD1	0.53	2.76	8	2
1:A:84:VAL:CG1	1:A:85:VAL:H	0.53	2.14	13	1
1:A:118:ASP:O	1:A:118:ASP:OD1	0.53	2.27	9	3
1:A:28:LEU:HD11	1:A:120:ARG:HG3	0.53	1.81	9	1
1:A:57:ASP:OD1	1:A:58:THR:N	0.53	2.41	10	1
1:A:84:VAL:CG1	1:A:138:THR:OG1	0.53	2.57	10	2
1:A:156:GLU:C	1:A:157:CYS:SG	0.53	2.87	12	2
1:A:150:LYS:O	1:A:151:ALA:O	0.53	2.27	1	3
1:A:82:PHE:CE2	1:A:156:GLU:OE1	0.53	2.62	3	1
1:A:167:ASN:O	1:A:170:ASP:OD1	0.53	2.27	6	3
1:A:6:CYS:O	1:A:54:GLY:O	0.52	2.27	1	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:138:THR:CB	1:A:139:PRO:CD	0.52	2.87	14	6
1:A:12:GLY:O	1:A:13:ALA:C	0.52	2.47	4	3
1:A:116:GLN:N	1:A:158:SER:HB2	0.52	2.20	10	4
1:A:117:ILE:HD12	1:A:118:ASP:H	0.52	1.64	7	1
1:A:8:VAL:O	1:A:57:ASP:O	0.52	2.27	13	2
1:A:28:LEU:CD1	1:A:160:LEU:HD21	0.52	2.34	12	1
1:A:117:ILE:N	1:A:158:SER:CB	0.52	2.72	1	2
1:A:119:LEU:HD23	1:A:119:LEU:C	0.52	2.24	1	1
1:A:28:LEU:HD12	1:A:160:LEU:HD21	0.52	1.81	12	1
1:A:117:ILE:HD11	1:A:120:ARG:N	0.52	2.19	11	1
1:A:155:VAL:CG1	1:A:156:GLU:N	0.52	2.72	13	1
1:A:33:VAL:O	1:A:33:VAL:HG13	0.52	2.03	11	2
1:A:83:SER:OG	1:A:89:SER:CB	0.52	2.58	9	1
1:A:117:ILE:HD11	1:A:120:ARG:H	0.52	1.64	11	1
1:A:138:THR:O	1:A:143:GLU:N	0.52	2.37	11	1
1:A:22:SER:HB2	1:A:165:LEU:HD13	0.52	1.81	12	1
1:A:32:TYR:CD2	1:A:33:VAL:O	0.52	2.63	7	1
1:A:20:LEU:C	1:A:22:SER:N	0.52	2.63	10	1
1:A:117:ILE:CD1	1:A:120:ARG:H	0.52	2.18	11	1
1:A:24:THR:O	1:A:25:THR:OG1	0.52	2.27	11	1
1:A:8:VAL:CG1	1:A:56:PHE:O	0.52	2.57	15	1
1:A:46:ILE:O	1:A:47:GLY:C	0.52	2.48	11	5
1:A:156:GLU:OE1	1:A:161:THR:HG21	0.52	2.04	1	1
1:A:58:THR:O	1:A:60:GLY:N	0.52	2.43	3	1
1:A:57:ASP:O	1:A:58:THR:C	0.52	2.47	1	3
1:A:82:PHE:CZ	1:A:156:GLU:OE1	0.52	2.62	3	1
1:A:2:GLN:O	1:A:176:ALA:HB2	0.52	2.04	12	1
1:A:84:VAL:CG1	1:A:85:VAL:N	0.52	2.73	13	1
1:A:157:CYS:SG	1:A:158:SER:N	0.51	2.82	15	2
1:A:23:TYR:C	1:A:23:TYR:CD1	0.51	2.81	5	2
1:A:116:GLN:O	1:A:120:ARG:N	0.51	2.43	5	1
1:A:56:PHE:O	1:A:57:ASP:OD1	0.51	2.28	12	1
1:A:94:LYS:NZ	1:A:142:ALA:O	0.51	2.44	1	3
1:A:118:ASP:OD2	1:A:138:THR:CG2	0.51	2.59	7	1
1:A:164:GLY:C	1:A:166:LYS:H	0.51	2.09	8	10
1:A:111:LEU:HD23	1:A:153:LYS:CE	0.51	2.34	2	1
1:A:19:LEU:HD13	1:A:114:GLY:O	0.51	2.05	3	4
1:A:19:LEU:HD13	1:A:81:CYS:SG	0.51	2.44	6	1
1:A:26:ASN:N	1:A:26:ASN:ND2	0.51	2.59	8	1
1:A:164:GLY:O	1:A:167:ASN:OD1	0.51	2.29	15	2
1:A:85:VAL:HG21	1:A:120:ARG:CG	0.51	2.35	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:14:VAL:O	1:A:16:LYS:NZ	0.51	2.42	2	1
1:A:82:PHE:O	1:A:82:PHE:CG	0.51	2.64	3	2
1:A:110:PHE:N	1:A:152:VAL:HG23	0.51	2.20	6	4
1:A:85:VAL:HG11	1:A:120:ARG:HE	0.51	1.64	15	1
1:A:78:PHE:C	1:A:79:LEU:HD12	0.51	2.25	3	4
1:A:97:TRP:CD1	1:A:97:TRP:N	0.51	2.79	5	2
1:A:31:GLU:C	1:A:33:VAL:H	0.51	2.08	2	1
1:A:39:ASN:O	1:A:55:LEU:O	0.51	2.28	5	4
1:A:20:LEU:C	1:A:20:LEU:CD1	0.51	2.76	7	2
1:A:58:THR:HG22	1:A:58:THR:O	0.51	2.06	9	1
1:A:169:PHE:O	1:A:172:ALA:HB3	0.51	2.06	9	1
1:A:21:ILE:O	1:A:24:THR:CB	0.51	2.58	1	1
1:A:117:ILE:H	1:A:158:SER:CB	0.51	2.18	1	2
1:A:94:LYS:NZ	1:A:142:ALA:HB1	0.51	2.21	8	2
1:A:57:ASP:O	1:A:58:THR:O	0.51	2.29	1	4
1:A:42:VAL:O	1:A:52:THR:OG1	0.51	2.28	4	3
1:A:36:VAL:HG12	1:A:37:PHE:N	0.51	2.21	14	1
1:A:84:VAL:HG13	1:A:138:THR:CG2	0.51	2.36	5	2
1:A:74:GLN:O	1:A:75:THR:C	0.51	2.49	3	1
1:A:6:CYS:SG	1:A:79:LEU:CD2	0.51	2.99	1	2
1:A:22:SER:O	1:A:26:ASN:OD1	0.51	2.29	15	3
1:A:157:CYS:HB2	1:A:165:LEU:HD12	0.51	1.82	6	2
1:A:26:ASN:ND2	1:A:159:ALA:CB	0.51	2.73	11	1
1:A:30:SER:C	1:A:32:TYR:H	0.51	2.09	15	2
1:A:23:TYR:C	1:A:25:THR:H	0.50	2.10	1	2
1:A:114:GLY:O	1:A:157:CYS:SG	0.50	2.65	2	1
1:A:149:LEU:O	1:A:150:LYS:CB	0.50	2.59	8	5
1:A:19:LEU:O	1:A:165:LEU:HD22	0.50	2.06	5	1
1:A:11:ASP:O	1:A:12:GLY:C	0.50	2.49	9	5
1:A:85:VAL:CG1	1:A:119:LEU:H	0.50	2.18	9	1
1:A:74:GLN:O	1:A:75:THR:O	0.50	2.29	10	1
1:A:110:PHE:CZ	1:A:150:LYS:O	0.50	2.64	12	1
1:A:140:GLU:O	1:A:144:LYS:N	0.50	2.35	14	1
1:A:25:THR:O	1:A:26:ASN:O	0.50	2.28	2	2
1:A:50:PRO:C	1:A:51:TYR:CG	0.50	2.84	7	4
1:A:82:PHE:CD2	1:A:83:SER:O	0.50	2.64	4	2
1:A:14:VAL:HG11	1:A:82:PHE:HA	0.50	1.84	5	1
1:A:8:VAL:HG11	1:A:19:LEU:HD21	0.50	1.83	8	1
1:A:159:ALA:O	1:A:160:LEU:HD22	0.50	2.07	11	1
1:A:84:VAL:HG21	1:A:156:GLU:OE1	0.50	2.06	14	1
1:A:167:ASN:O	1:A:168:VAL:C	0.50	2.50	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:37:PHE:CE2	1:A:38:ASP:O	0.50	2.65	8	1
1:A:27:LYS:O	1:A:28:LEU:O	0.50	2.30	12	1
1:A:84:VAL:HG21	1:A:156:GLU:CD	0.50	2.27	14	1
1:A:16:LYS:O	1:A:57:ASP:OD2	0.50	2.30	1	1
1:A:33:VAL:HG12	1:A:33:VAL:O	0.50	2.06	6	2
1:A:117:ILE:HG13	1:A:119:LEU:H	0.50	1.66	11	1
1:A:165:LEU:N	1:A:165:LEU:CD2	0.50	2.75	14	2
1:A:86:SER:CB	1:A:87:PRO:CD	0.50	2.90	12	1
1:A:9:VAL:O	1:A:81:CYS:N	0.50	2.44	2	2
1:A:160:LEU:C	1:A:160:LEU:HD23	0.50	2.26	2	1
1:A:19:LEU:CD1	1:A:114:GLY:O	0.50	2.59	7	3
1:A:112:LEU:HD13	1:A:149:LEU:CD2	0.50	2.36	7	1
1:A:45:MET:SD	1:A:45:MET:O	0.50	2.69	15	1
1:A:26:ASN:O	1:A:27:LYS:O	0.50	2.30	1	2
1:A:84:VAL:HG11	1:A:156:GLU:CD	0.50	2.26	2	1
1:A:102:THR:O	1:A:105:CYS:O	0.50	2.30	10	6
1:A:11:ASP:H	1:A:93:VAL:CG2	0.50	2.19	4	1
1:A:8:VAL:O	1:A:8:VAL:CG1	0.50	2.60	5	1
1:A:84:VAL:O	1:A:84:VAL:CG1	0.50	2.58	11	2
1:A:146:ALA:HB1	1:A:151:ALA:HB2	0.50	1.83	15	1
1:A:51:TYR:CE1	1:A:173:ILE:HG23	0.50	2.41	6	1
1:A:21:ILE:O	1:A:24:THR:OG1	0.50	2.30	1	2
1:A:81:CYS:SG	1:A:114:GLY:C	0.50	2.90	11	2
1:A:94:LYS:HE2	1:A:112:LEU:HD11	0.50	1.84	5	1
1:A:117:ILE:O	1:A:119:LEU:N	0.50	2.45	5	1
1:A:85:VAL:HG23	1:A:119:LEU:HD12	0.50	1.83	7	1
1:A:165:LEU:CD2	1:A:165:LEU:H	0.50	2.20	14	1
1:A:80:VAL:O	1:A:113:VAL:O	0.49	2.30	6	3
1:A:6:CYS:N	1:A:54:GLY:O	0.49	2.45	8	3
1:A:49:GLU:OE1	1:A:170:ASP:OD1	0.49	2.31	9	1
1:A:160:LEU:O	1:A:162:GLN:OE1	0.49	2.30	9	1
1:A:87:PRO:O	1:A:90:PHE:CD1	0.49	2.65	10	1
1:A:34:PRO:O	1:A:35:THR:O	0.49	2.30	12	1
1:A:88:SER:O	1:A:92:ASN:OD1	0.49	2.30	1	2
1:A:158:SER:O	1:A:159:ALA:C	0.49	2.49	9	9
1:A:111:LEU:HD23	1:A:153:LYS:HE2	0.49	1.84	2	1
1:A:110:PHE:CD1	1:A:151:ALA:N	0.49	2.79	4	2
1:A:94:LYS:NZ	1:A:142:ALA:CB	0.49	2.75	8	2
1:A:118:ASP:C	1:A:119:LEU:HD12	0.49	2.28	10	1
1:A:111:LEU:N	1:A:111:LEU:CD1	0.49	2.75	11	8
1:A:6:CYS:SG	1:A:55:LEU:HD12	0.49	2.48	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:22:SER:O	1:A:162:GLN:OE1	0.49	2.31	11	1
1:A:89:SER:C	1:A:91:GLU:N	0.49	2.62	12	1
1:A:156:GLU:O	1:A:161:THR:HB	0.49	2.08	12	1
1:A:15:GLY:C	1:A:17:THR:N	0.49	2.66	14	1
1:A:82:PHE:CE1	1:A:113:VAL:O	0.49	2.65	7	3
1:A:159:ALA:N	1:A:162:GLN:NE2	0.49	2.59	2	1
1:A:23:TYR:CD1	1:A:169:PHE:CZ	0.49	3.00	3	2
1:A:151:ALA:O	1:A:152:VAL:HG23	0.49	2.07	3	3
1:A:75:THR:O	1:A:76:ASP:OD1	0.49	2.30	5	1
1:A:47:GLY:O	1:A:49:GLU:OE1	0.49	2.30	6	1
1:A:117:ILE:O	1:A:117:ILE:CG1	0.49	2.59	14	1
1:A:38:ASP:O	1:A:39:ASN:CB	0.49	2.61	4	1
1:A:104:HIS:C	1:A:105:CYS:SG	0.49	2.90	11	1
1:A:18:CYS:HA	1:A:21:ILE:HD12	0.49	1.82	6	2
1:A:58:THR:C	1:A:60:GLY:N	0.49	2.66	3	1
1:A:21:ILE:O	1:A:21:ILE:CG2	0.49	2.59	7	4
1:A:27:LYS:HZ2	1:A:162:GLN:HE22	0.49	1.51	6	1
1:A:56:PHE:CE1	1:A:79:LEU:CD2	0.49	2.96	10	1
1:A:157:CYS:SG	1:A:157:CYS:O	0.49	2.71	13	2
1:A:76:ASP:O	1:A:76:ASP:OD1	0.49	2.31	2	1
1:A:11:ASP:OD2	1:A:60:GLY:O	0.49	2.30	5	1
1:A:82:PHE:CG	1:A:93:VAL:HG21	0.49	2.42	8	1
1:A:97:TRP:CE3	1:A:100:GLU:OE1	0.49	2.66	11	2
1:A:82:PHE:CZ	1:A:94:LYS:CE	0.49	2.96	9	2
1:A:56:PHE:CD1	1:A:56:PHE:N	0.49	2.80	10	1
1:A:19:LEU:HD11	1:A:113:VAL:HG11	0.49	1.83	13	1
1:A:141:THR:O	1:A:144:LYS:N	0.49	2.45	15	1
1:A:6:CYS:SG	1:A:79:LEU:CD1	0.48	3.00	1	2
1:A:145:LEU:O	1:A:149:LEU:CB	0.48	2.61	14	3
1:A:118:ASP:OD2	1:A:156:GLU:OE1	0.48	2.31	8	1
1:A:137:ILE:CG2	1:A:138:THR:N	0.48	2.61	15	1
1:A:2:GLN:O	1:A:176:ALA:HB1	0.48	2.07	1	1
1:A:33:VAL:N	1:A:34:PRO:CD	0.48	2.75	1	1
1:A:51:TYR:CZ	1:A:169:PHE:O	0.48	2.65	1	1
1:A:26:ASN:OD1	1:A:159:ALA:O	0.48	2.30	5	1
1:A:14:VAL:H	1:A:16:LYS:HZ1	0.48	1.48	8	1
1:A:42:VAL:HG21	1:A:55:LEU:HD11	0.48	1.83	10	1
1:A:27:LYS:N	1:A:162:GLN:NE2	0.48	2.62	3	1
1:A:16:LYS:CB	1:A:58:THR:H	0.48	2.21	6	1
1:A:105:CYS:O	1:A:108:THR:OG1	0.48	2.31	9	2
1:A:76:ASP:OD2	1:A:178:GLU:OE2	0.48	2.31	9	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:51:TYR:CE1	1:A:173:ILE:HD11	0.48	2.42	10	1
1:A:28:LEU:HD11	1:A:120:ARG:CG	0.48	2.38	9	1
1:A:26:ASN:OD1	1:A:162:GLN:OE1	0.48	2.31	13	2
1:A:148:ASP:O	1:A:148:ASP:OD1	0.48	2.32	15	1
1:A:138:THR:O	1:A:139:PRO:C	0.48	2.51	15	6
1:A:52:THR:C	1:A:53:LEU:HD22	0.48	2.28	5	3
1:A:105:CYS:SG	1:A:106:PRO:N	0.48	2.85	10	4
1:A:10:GLY:O	1:A:97:TRP:CH2	0.48	2.66	9	1
1:A:138:THR:H	1:A:139:PRO:HD2	0.48	1.68	10	8
1:A:50:PRO:O	1:A:51:TYR:CD2	0.48	2.67	14	2
1:A:82:PHE:CE1	1:A:94:LYS:CE	0.48	2.97	4	2
1:A:56:PHE:O	1:A:57:ASP:C	0.48	2.51	10	1
1:A:156:GLU:O	1:A:156:GLU:CG	0.48	2.61	10	1
1:A:150:LYS:O	1:A:151:ALA:HB3	0.48	2.08	13	1
1:A:93:VAL:O	1:A:98:VAL:HG23	0.48	2.09	14	1
1:A:12:GLY:O	1:A:14:VAL:HG13	0.48	2.09	6	1
1:A:46:ILE:O	1:A:49:GLU:N	0.48	2.47	6	2
1:A:89:SER:O	1:A:93:VAL:N	0.48	2.46	15	1
1:A:49:GLU:O	1:A:51:TYR:CD2	0.48	2.66	1	1
1:A:84:VAL:CG1	1:A:118:ASP:OD1	0.48	2.61	1	1
1:A:117:ILE:HG23	1:A:158:SER:HB3	0.48	1.85	7	1
1:A:51:TYR:CE2	1:A:169:PHE:O	0.48	2.67	10	1
1:A:57:ASP:O	1:A:59:ALA:N	0.48	2.47	3	2
1:A:91:GLU:OE2	1:A:95:GLU:OE1	0.48	2.31	7	1
1:A:3:THR:HG22	1:A:51:TYR:HA	0.48	1.85	8	1
1:A:149:LEU:O	1:A:150:LYS:HB2	0.47	2.08	8	5
1:A:57:ASP:O	1:A:58:THR:OG1	0.47	2.30	10	4
1:A:83:SER:OG	1:A:116:GLN:OE1	0.47	2.29	8	1
1:A:28:LEU:HD23	1:A:29:PRO:HD2	0.47	1.84	13	1
1:A:90:PHE:CD1	1:A:91:GLU:N	0.47	2.82	14	1
1:A:58:THR:CG2	1:A:59:ALA:H	0.47	2.14	1	1
1:A:79:LEU:N	1:A:79:LEU:CD1	0.47	2.76	4	2
1:A:8:VAL:HG22	1:A:79:LEU:HB2	0.47	1.86	7	1
1:A:116:GLN:C	1:A:118:ASP:H	0.47	2.13	8	1
1:A:117:ILE:O	1:A:118:ASP:CG	0.47	2.53	8	1
1:A:81:CYS:SG	1:A:115:THR:CG2	0.47	3.02	14	1
1:A:21:ILE:O	1:A:22:SER:C	0.47	2.53	13	3
1:A:85:VAL:O	1:A:86:SER:OG	0.47	2.30	5	3
1:A:84:VAL:HG21	1:A:117:ILE:C	0.47	2.29	5	1
1:A:11:ASP:CG	1:A:12:GLY:N	0.47	2.67	7	1
1:A:26:ASN:O	1:A:26:ASN:CG	0.47	2.52	13	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:58:THR:CG2	1:A:59:ALA:N	0.47	2.73	1	2
1:A:27:LYS:NZ	1:A:162:GLN:NE2	0.47	2.62	6	1
1:A:156:GLU:HB2	1:A:161:THR:HG21	0.47	1.86	1	2
1:A:57:ASP:O	1:A:58:THR:CG2	0.47	2.63	5	1
1:A:7:VAL:HG23	1:A:75:THR:CG2	0.47	2.39	14	1
1:A:85:VAL:CG2	1:A:118:ASP:O	0.47	2.63	4	1
1:A:117:ILE:HD12	1:A:161:THR:OG1	0.47	2.09	6	1
1:A:28:LEU:H	1:A:159:ALA:CB	0.47	2.22	8	1
1:A:89:SER:O	1:A:92:ASN:N	0.47	2.29	12	1
1:A:84:VAL:HG11	1:A:118:ASP:OD1	0.47	2.10	1	1
1:A:86:SER:C	1:A:88:SER:H	0.47	2.12	1	2
1:A:117:ILE:HG12	1:A:118:ASP:H	0.47	1.70	13	3
1:A:168:VAL:O	1:A:169:PHE:C	0.47	2.51	2	7
1:A:11:ASP:OD2	1:A:92:ASN:OD1	0.47	2.32	2	1
1:A:50:PRO:C	1:A:51:TYR:CD2	0.47	2.88	7	4
1:A:105:CYS:SG	1:A:107:LYS:O	0.47	2.73	2	1
1:A:154:TYR:C	1:A:155:VAL:CG2	0.47	2.83	2	1
1:A:46:ILE:C	1:A:48:GLY:N	0.47	2.68	6	2
1:A:21:ILE:O	1:A:21:ILE:HG22	0.47	2.10	7	1
1:A:85:VAL:HG21	1:A:120:ARG:HG2	0.47	1.86	10	1
1:A:46:ILE:HD13	1:A:170:ASP:HB2	0.47	1.86	3	1
1:A:112:LEU:HD12	1:A:154:TYR:CD2	0.47	2.45	10	1
1:A:155:VAL:O	1:A:156:GLU:CD	0.47	2.53	11	1
1:A:84:VAL:O	1:A:86:SER:N	0.47	2.48	13	1
1:A:141:THR:O	1:A:142:ALA:C	0.47	2.53	15	1
1:A:23:TYR:CG	1:A:24:THR:N	0.47	2.80	5	3
1:A:25:THR:O	1:A:27:LYS:N	0.47	2.47	8	1
1:A:117:ILE:HD13	1:A:161:THR:OG1	0.47	2.09	14	1
1:A:36:VAL:CG1	1:A:37:PHE:N	0.47	2.77	8	2
1:A:105:CYS:SG	1:A:106:PRO:O	0.47	2.73	10	3
1:A:40:TYR:O	1:A:53:LEU:O	0.47	2.33	11	1
1:A:56:PHE:O	1:A:56:PHE:CG	0.47	2.68	12	2
1:A:14:VAL:O	1:A:15:GLY:C	0.46	2.52	1	1
1:A:22:SER:OG	1:A:157:CYS:SG	0.46	2.73	1	1
1:A:49:GLU:OE1	1:A:51:TYR:OH	0.46	2.32	11	1
1:A:167:ASN:OD1	1:A:167:ASN:C	0.46	2.53	15	2
1:A:118:ASP:OD1	1:A:156:GLU:OE1	0.46	2.31	13	1
1:A:17:THR:C	1:A:19:LEU:N	0.46	2.69	1	2
1:A:115:THR:C	1:A:117:ILE:N	0.46	2.68	1	1
1:A:10:GLY:N	1:A:16:LYS:HZ1	0.46	2.08	3	1
1:A:85:VAL:HG21	1:A:119:LEU:HB2	0.46	1.86	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:GLY:C	1:A:17:THR:H	0.46	2.12	14	1
1:A:98:VAL:O	1:A:102:THR:OG1	0.46	2.30	12	1
1:A:161:THR:O	1:A:161:THR:HG22	0.46	2.10	14	1
1:A:165:LEU:N	1:A:165:LEU:HD22	0.46	2.25	14	1
1:A:20:LEU:O	1:A:23:TYR:CD2	0.46	2.69	5	1
1:A:17:THR:C	1:A:19:LEU:H	0.46	2.14	6	1
1:A:158:SER:O	1:A:158:SER:OG	0.46	2.29	9	2
1:A:88:SER:O	1:A:89:SER:O	0.46	2.33	12	1
1:A:11:ASP:OD1	1:A:16:LYS:NZ	0.46	2.40	5	1
1:A:23:TYR:H	1:A:165:LEU:HD23	0.46	1.70	5	1
1:A:9:VAL:HG11	1:A:101:ILE:HD13	0.46	1.87	15	2
1:A:6:CYS:SG	1:A:53:LEU:HD11	0.46	2.50	10	1
1:A:139:PRO:O	1:A:140:GLU:C	0.46	2.54	7	2
1:A:85:VAL:O	1:A:86:SER:C	0.46	2.53	12	1
1:A:145:LEU:N	1:A:145:LEU:CD1	0.46	2.78	4	1
1:A:56:PHE:CD2	1:A:57:ASP:N	0.46	2.83	3	1
1:A:85:VAL:HG21	1:A:118:ASP:O	0.46	2.11	4	1
1:A:25:THR:O	1:A:26:ASN:CG	0.46	2.55	9	1
1:A:23:TYR:CE2	1:A:44:VAL:HG11	0.46	2.46	13	1
1:A:39:ASN:OD1	1:A:40:TYR:N	0.46	2.48	3	2
1:A:38:ASP:OD1	1:A:38:ASP:O	0.46	2.34	9	1
1:A:153:LYS:C	1:A:154:TYR:CD1	0.46	2.90	10	1
1:A:16:LYS:CG	1:A:17:THR:N	0.46	2.78	12	1
1:A:146:ALA:O	1:A:149:LEU:C	0.45	2.55	3	3
1:A:162:GLN:O	1:A:166:LYS:CB	0.45	2.64	9	2
1:A:14:VAL:CG2	1:A:15:GLY:H	0.45	2.14	5	1
1:A:84:VAL:HG11	1:A:156:GLU:HB3	0.45	1.87	9	1
1:A:20:LEU:HD11	1:A:42:VAL:HG21	0.45	1.86	12	1
1:A:88:SER:O	1:A:89:SER:C	0.45	2.55	12	1
1:A:9:VAL:HG11	1:A:101:ILE:CG1	0.45	2.41	14	1
1:A:118:ASP:OD1	1:A:118:ASP:C	0.45	2.55	11	3
1:A:90:PHE:CD1	1:A:90:PHE:C	0.45	2.89	6	3
1:A:157:CYS:SG	1:A:165:LEU:HD22	0.45	2.51	5	1
1:A:19:LEU:CD1	1:A:81:CYS:SG	0.45	3.04	6	1
1:A:57:ASP:OD1	1:A:57:ASP:C	0.45	2.55	12	1
1:A:10:GLY:CA	1:A:58:THR:HG23	0.45	2.41	13	1
1:A:15:GLY:O	1:A:115:THR:OG1	0.45	2.30	2	3
1:A:177:LEU:N	1:A:177:LEU:CD1	0.45	2.80	5	1
1:A:10:GLY:C	1:A:60:GLY:O	0.45	2.55	7	1
1:A:17:THR:O	1:A:18:CYS:C	0.45	2.55	1	1
1:A:155:VAL:HG22	1:A:156:GLU:N	0.45	2.21	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:86:SER:O	1:A:86:SER:OG	0.45	2.34	13	1
1:A:115:THR:O	1:A:116:GLN:C	0.45	2.54	1	4
1:A:37:PHE:CD2	1:A:37:PHE:O	0.45	2.70	5	2
1:A:87:PRO:C	1:A:89:SER:N	0.45	2.69	9	1
1:A:116:GLN:CA	1:A:158:SER:CB	0.45	2.95	11	1
1:A:16:LYS:CG	1:A:58:THR:H	0.45	2.25	15	1
1:A:57:ASP:C	1:A:57:ASP:OD1	0.45	2.55	3	9
1:A:113:VAL:HG13	1:A:157:CYS:SG	0.45	2.52	2	1
1:A:75:THR:CG2	1:A:78:PHE:CE1	0.45	3.00	4	1
1:A:82:PHE:O	1:A:82:PHE:CD2	0.45	2.69	6	2
1:A:3:THR:CG2	1:A:52:THR:HG22	0.45	2.41	7	1
1:A:84:VAL:HG11	1:A:138:THR:HG21	0.45	1.88	8	1
1:A:117:ILE:CG1	1:A:161:THR:OG1	0.45	2.65	8	1
1:A:6:CYS:SG	1:A:55:LEU:CD2	0.45	3.03	1	3
1:A:137:ILE:C	1:A:141:THR:OG1	0.45	2.55	2	1
1:A:80:VAL:HG21	1:A:112:LEU:HD12	0.45	1.88	9	1
1:A:155:VAL:HG22	1:A:161:THR:HG22	0.45	1.88	14	1
1:A:2:GLN:O	1:A:3:THR:C	0.45	2.55	5	7
1:A:87:PRO:O	1:A:90:PHE:CE2	0.45	2.70	4	1
1:A:162:GLN:C	1:A:162:GLN:NE2	0.45	2.70	10	1
1:A:30:SER:C	1:A:32:TYR:N	0.45	2.70	11	2
1:A:93:VAL:HG22	1:A:94:LYS:N	0.45	2.24	11	1
1:A:24:THR:C	1:A:25:THR:OG1	0.45	2.54	5	2
1:A:83:SER:C	1:A:85:VAL:N	0.45	2.71	5	1
1:A:108:THR:O	1:A:110:PHE:CE1	0.45	2.70	5	1
1:A:83:SER:O	1:A:89:SER:OG	0.45	2.31	14	2
1:A:26:ASN:CG	1:A:26:ASN:O	0.45	2.56	12	1
1:A:22:SER:O	1:A:23:TYR:C	0.44	2.54	5	1
1:A:23:TYR:CG	1:A:169:PHE:CD1	0.44	3.04	5	1
1:A:87:PRO:C	1:A:89:SER:H	0.44	2.15	9	1
1:A:139:PRO:O	1:A:143:GLU:CD	0.44	2.56	9	1
1:A:26:ASN:O	1:A:27:LYS:C	0.44	2.56	10	1
1:A:10:GLY:O	1:A:60:GLY:O	0.44	2.35	7	2
1:A:4:ILE:HD11	1:A:76:ASP:CG	0.44	2.32	13	2
1:A:80:VAL:HG11	1:A:93:VAL:HG23	0.44	1.88	11	1
1:A:57:ASP:CG	1:A:58:THR:H	0.44	2.15	14	1
1:A:21:ILE:CD1	1:A:26:ASN:HD22	0.44	2.11	1	1
1:A:51:TYR:OH	1:A:169:PHE:C	0.44	2.56	1	2
1:A:164:GLY:O	1:A:165:LEU:C	0.44	2.56	15	4
1:A:137:ILE:CG2	1:A:141:THR:OG1	0.44	2.66	3	1
1:A:26:ASN:C	1:A:159:ALA:O	0.44	2.56	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:ASP:OD1	1:A:38:ASP:C	0.44	2.55	9	1
1:A:19:LEU:O	1:A:22:SER:OG	0.44	2.29	13	1
1:A:75:THR:HG21	1:A:78:PHE:CZ	0.44	2.48	13	1
1:A:76:ASP:OD1	1:A:76:ASP:C	0.44	2.55	14	1
1:A:167:ASN:C	1:A:170:ASP:OD1	0.44	2.55	14	1
1:A:86:SER:C	1:A:88:SER:N	0.44	2.71	1	2
1:A:151:ALA:O	1:A:152:VAL:CG2	0.44	2.65	4	1
1:A:116:GLN:C	1:A:117:ILE:O	0.44	2.55	5	1
1:A:15:GLY:CA	1:A:116:GLN:HE21	0.44	2.25	6	1
1:A:19:LEU:O	1:A:165:LEU:CD2	0.44	2.65	7	1
1:A:38:ASP:C	1:A:38:ASP:OD1	0.44	2.55	7	1
1:A:117:ILE:CG2	1:A:118:ASP:H	0.44	2.18	9	1
1:A:22:SER:O	1:A:162:GLN:CD	0.44	2.56	11	1
1:A:157:CYS:CB	1:A:165:LEU:HD12	0.44	2.41	1	3
1:A:56:PHE:CG	1:A:57:ASP:N	0.44	2.85	3	1
1:A:93:VAL:HG12	1:A:94:LYS:N	0.44	2.28	3	1
1:A:153:LYS:C	1:A:154:TYR:CD2	0.44	2.91	3	2
1:A:50:PRO:C	1:A:51:TYR:CD1	0.44	2.91	6	1
1:A:155:VAL:O	1:A:155:VAL:CG2	0.44	2.60	6	1
1:A:39:ASN:O	1:A:40:TYR:CG	0.44	2.70	12	1
1:A:89:SER:O	1:A:90:PHE:C	0.44	2.55	12	1
1:A:84:VAL:HG21	1:A:156:GLU:HB3	0.44	1.89	15	1
1:A:28:LEU:C	1:A:30:SER:N	0.44	2.71	1	1
1:A:84:VAL:HG11	1:A:138:THR:OG1	0.44	2.12	10	1
1:A:117:ILE:HD12	1:A:160:LEU:HD23	0.44	1.90	10	1
1:A:8:VAL:HG12	1:A:56:PHE:O	0.44	2.12	15	1
1:A:82:PHE:CB	1:A:93:VAL:HG21	0.44	2.42	15	1
1:A:137:ILE:CG1	1:A:141:THR:HG21	0.44	2.42	10	1
1:A:35:THR:O	1:A:36:VAL:C	0.44	2.56	14	1
1:A:16:LYS:CE	1:A:59:ALA:HB3	0.44	2.43	6	1
1:A:117:ILE:HG13	1:A:161:THR:OG1	0.44	2.13	8	1
1:A:14:VAL:CG2	1:A:15:GLY:N	0.44	2.80	13	1
1:A:7:VAL:N	1:A:75:THR:HG21	0.44	2.27	14	1
1:A:11:ASP:OD2	1:A:92:ASN:CB	0.44	2.66	2	1
1:A:33:VAL:O	1:A:33:VAL:HG23	0.44	2.13	4	1
1:A:20:LEU:C	1:A:22:SER:H	0.44	2.14	10	1
1:A:53:LEU:HD22	1:A:169:PHE:HA	0.44	1.89	12	1
1:A:156:GLU:N	1:A:156:GLU:OE1	0.43	2.50	1	1
1:A:11:ASP:CG	1:A:12:GLY:H	0.43	2.15	7	1
1:A:11:ASP:C	1:A:13:ALA:H	0.43	2.15	8	1
1:A:157:CYS:SG	1:A:165:LEU:CD1	0.43	3.04	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:GLY:C	1:A:12:GLY:H	0.43	2.16	11	1
1:A:53:LEU:HD23	1:A:53:LEU:N	0.43	2.29	11	1
1:A:85:VAL:O	1:A:85:VAL:CG1	0.43	2.63	11	1
1:A:92:ASN:O	1:A:93:VAL:C	0.43	2.57	11	1
1:A:36:VAL:HG12	1:A:37:PHE:H	0.43	1.73	14	1
1:A:43:THR:O	1:A:43:THR:CG2	0.43	2.64	1	3
1:A:139:PRO:O	1:A:143:GLU:N	0.43	2.38	6	1
1:A:89:SER:O	1:A:93:VAL:HG12	0.43	2.14	7	1
1:A:110:PHE:CD1	1:A:150:LYS:O	0.43	2.71	11	1
1:A:117:ILE:HG22	1:A:158:SER:HB3	0.43	1.90	14	1
1:A:84:VAL:HG21	1:A:156:GLU:HB2	0.43	1.90	10	1
1:A:99:PRO:O	1:A:103:HIS:CE1	0.43	2.71	12	1
1:A:101:ILE:HG13	1:A:102:THR:HG23	0.43	1.88	13	1
1:A:93:VAL:HG23	1:A:94:LYS:N	0.43	2.29	2	1
1:A:137:ILE:O	1:A:137:ILE:CG2	0.43	2.64	8	2
1:A:11:ASP:CG	1:A:60:GLY:O	0.43	2.56	5	1
1:A:85:VAL:HB	1:A:119:LEU:HD21	0.43	1.90	5	1
1:A:114:GLY:N	1:A:155:VAL:O	0.43	2.51	5	1
1:A:51:TYR:CG	1:A:173:ILE:HG22	0.43	2.48	8	1
1:A:26:ASN:CA	1:A:159:ALA:O	0.43	2.66	9	1
1:A:31:GLU:C	1:A:33:VAL:N	0.43	2.72	2	1
1:A:105:CYS:SG	1:A:107:LYS:N	0.43	2.92	2	1
1:A:97:TRP:O	1:A:98:VAL:C	0.43	2.56	9	2
1:A:116:GLN:O	1:A:119:LEU:CA	0.43	2.67	4	1
1:A:90:PHE:CD1	1:A:90:PHE:O	0.43	2.71	6	1
1:A:117:ILE:CG2	1:A:158:SER:N	0.43	2.81	7	1
1:A:11:ASP:OD1	1:A:11:ASP:C	0.43	2.55	11	1
1:A:117:ILE:HD13	1:A:160:LEU:HD23	0.43	1.90	13	1
1:A:11:ASP:C	1:A:13:ALA:N	0.43	2.72	8	2
1:A:86:SER:OG	1:A:89:SER:OG	0.43	2.30	8	1
1:A:98:VAL:N	1:A:99:PRO:HD2	0.43	2.29	1	7
1:A:57:ASP:C	1:A:58:THR:CG2	0.43	2.86	11	1
1:A:110:PHE:O	1:A:152:VAL:HG23	0.43	2.13	6	1
1:A:152:VAL:O	1:A:154:TYR:CE2	0.43	2.71	12	1
1:A:85:VAL:HG11	1:A:120:ARG:NE	0.43	2.29	15	1
1:A:51:TYR:CD1	1:A:173:ILE:HG23	0.43	2.49	6	1
1:A:117:ILE:O	1:A:118:ASP:OD2	0.43	2.37	8	1
1:A:174:LEU:N	1:A:174:LEU:CD1	0.43	2.80	10	1
1:A:8:VAL:CB	1:A:57:ASP:OD1	0.43	2.67	11	1
1:A:39:ASN:O	1:A:40:TYR:CB	0.43	2.66	12	1
1:A:30:SER:O	1:A:32:TYR:N	0.43	2.52	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:116:GLN:OE1	1:A:120:ARG:NH2	0.43	2.52	6	1
1:A:85:VAL:HG23	1:A:119:LEU:HA	0.43	1.90	7	1
1:A:83:SER:O	1:A:86:SER:OG	0.42	2.37	2	1
1:A:19:LEU:HD21	1:A:113:VAL:HG11	0.42	1.88	10	3
1:A:177:LEU:HD12	1:A:177:LEU:H	0.42	1.74	5	1
1:A:173:ILE:CG1	1:A:174:LEU:N	0.42	2.82	7	1
1:A:7:VAL:HG23	1:A:75:THR:CB	0.42	2.44	14	1
1:A:108:THR:O	1:A:110:PHE:CD2	0.42	2.72	14	2
1:A:102:THR:O	1:A:105:CYS:N	0.42	2.52	3	2
1:A:84:VAL:HG22	1:A:115:THR:O	0.42	2.14	8	1
1:A:40:TYR:CA	1:A:55:LEU:H	0.42	2.27	10	1
1:A:14:VAL:C	1:A:16:LYS:H	0.42	2.18	9	1
1:A:33:VAL:O	1:A:33:VAL:HG22	0.42	2.13	11	1
1:A:8:VAL:HG23	1:A:81:CYS:HB2	0.42	1.90	15	1
1:A:53:LEU:HG	1:A:172:ALA:HB3	0.42	1.91	5	2
1:A:110:PHE:CE1	1:A:150:LYS:CB	0.42	3.02	3	1
1:A:14:VAL:CG1	1:A:116:GLN:OE1	0.42	2.68	4	1
1:A:31:GLU:OE2	1:A:32:TYR:CE2	0.42	2.72	5	1
1:A:117:ILE:N	1:A:158:SER:HB2	0.42	2.30	8	1
1:A:157:CYS:C	1:A:158:SER:OG	0.42	2.56	2	1
1:A:57:ASP:O	1:A:58:THR:HB	0.42	2.15	5	1
1:A:152:VAL:HG12	1:A:153:LYS:HG3	0.42	1.92	6	1
1:A:90:PHE:CE1	1:A:137:ILE:CD1	0.42	3.02	10	1
1:A:40:TYR:CD1	1:A:40:TYR:N	0.42	2.81	15	1
1:A:20:LEU:HD11	1:A:57:ASP:HB3	0.42	1.90	8	1
1:A:86:SER:N	1:A:87:PRO:HD2	0.42	2.30	9	1
1:A:84:VAL:HG11	1:A:156:GLU:OE1	0.42	2.15	10	1
1:A:20:LEU:O	1:A:24:THR:OG1	0.42	2.36	12	1
1:A:94:LYS:HZ3	1:A:142:ALA:CB	0.42	2.27	12	1
1:A:22:SER:O	1:A:26:ASN:CG	0.42	2.57	15	1
1:A:85:VAL:C	1:A:86:SER:OG	0.42	2.57	14	2
1:A:19:LEU:HD12	1:A:157:CYS:HG	0.42	1.75	13	1
1:A:117:ILE:C	1:A:119:LEU:N	0.42	2.72	4	1
1:A:26:ASN:O	1:A:26:ASN:OD1	0.42	2.37	7	1
1:A:46:ILE:O	1:A:46:ILE:HG23	0.42	2.15	7	2
1:A:170:ASP:O	1:A:173:ILE:CG1	0.42	2.68	11	1
1:A:10:GLY:HA3	1:A:58:THR:HG23	0.42	1.91	13	1
1:A:26:ASN:CG	1:A:162:GLN:HE22	0.42	2.18	13	1
1:A:10:GLY:CA	1:A:97:TRP:CD1	0.42	3.03	14	1
1:A:16:LYS:HZ3	1:A:59:ALA:H	0.42	1.54	15	1
1:A:40:TYR:O	1:A:54:GLY:CA	0.42	2.68	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:157:CYS:HA	1:A:161:THR:HB	0.42	1.92	12	1
1:A:168:VAL:O	1:A:170:ASP:N	0.42	2.52	2	1
1:A:117:ILE:HG23	1:A:158:SER:N	0.42	2.30	7	1
1:A:22:SER:OG	1:A:165:LEU:HD13	0.42	2.15	8	1
1:A:138:THR:N	1:A:139:PRO:HD2	0.42	2.29	8	1
1:A:23:TYR:OH	1:A:44:VAL:CG1	0.42	2.68	13	1
1:A:17:THR:HG21	1:A:33:VAL:HG11	0.42	1.92	15	1
1:A:15:GLY:N	1:A:115:THR:OG1	0.41	2.53	1	1
1:A:84:VAL:HG13	1:A:137:ILE:O	0.41	2.14	11	1
1:A:78:PHE:N	1:A:78:PHE:CD1	0.41	2.87	13	1
1:A:22:SER:O	1:A:26:ASN:CA	0.41	2.68	15	1
1:A:119:LEU:C	1:A:120:ARG:CD	0.41	2.89	15	1
1:A:6:CYS:CB	1:A:54:GLY:O	0.41	2.67	11	1
1:A:51:TYR:HB2	1:A:173:ILE:HG21	0.41	1.92	11	1
1:A:159:ALA:H	1:A:162:GLN:HE21	0.41	1.56	2	1
1:A:6:CYS:SG	1:A:55:LEU:CD1	0.41	3.08	6	1
1:A:155:VAL:HG11	1:A:165:LEU:CD2	0.41	2.45	9	1
1:A:11:ASP:N	1:A:93:VAL:HG22	0.41	2.30	10	1
1:A:82:PHE:O	1:A:115:THR:HG23	0.41	2.15	12	1
1:A:117:ILE:HG22	1:A:157:CYS:HA	0.41	1.91	7	1
1:A:23:TYR:OH	1:A:42:VAL:CG1	0.41	2.69	9	1
1:A:112:LEU:CD2	1:A:146:ALA:HB2	0.41	2.39	14	1
1:A:141:THR:C	1:A:143:GLU:N	0.41	2.73	15	1
1:A:27:LYS:N	1:A:162:GLN:OE1	0.41	2.53	4	1
1:A:143:GLU:OE1	1:A:154:TYR:CD1	0.41	2.73	4	1
1:A:15:GLY:CA	1:A:116:GLN:NE2	0.41	2.83	6	1
1:A:22:SER:OG	1:A:165:LEU:CB	0.41	2.69	9	1
1:A:43:THR:O	1:A:43:THR:HG23	0.41	2.16	11	1
1:A:117:ILE:HG23	1:A:158:SER:CB	0.41	2.46	11	1
1:A:42:VAL:C	1:A:52:THR:OG1	0.41	2.59	13	1
1:A:23:TYR:CE1	1:A:169:PHE:CE2	0.41	3.09	5	1
1:A:116:GLN:CD	1:A:120:ARG:HH21	0.41	2.19	6	1
1:A:97:TRP:O	1:A:100:GLU:N	0.41	2.53	9	1
1:A:117:ILE:H	1:A:158:SER:HB2	0.41	1.76	10	1
1:A:82:PHE:CZ	1:A:94:LYS:NZ	0.41	2.89	12	1
1:A:23:TYR:CE1	1:A:169:PHE:CD2	0.41	3.09	13	1
1:A:117:ILE:HD12	1:A:156:GLU:OE1	0.41	2.15	14	1
1:A:79:LEU:C	1:A:79:LEU:CD2	0.41	2.89	5	1
1:A:44:VAL:CG1	1:A:51:TYR:CZ	0.41	3.04	10	1
1:A:51:TYR:CD2	1:A:173:ILE:HD13	0.41	2.51	14	1
1:A:85:VAL:HG21	1:A:120:ARG:HG3	0.41	1.92	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:GLY:O	1:A:16:LYS:C	0.41	2.58	1	1
1:A:3:THR:CB	1:A:52:THR:HG1	0.41	2.28	2	1
1:A:16:LYS:CD	1:A:16:LYS:N	0.41	2.83	2	1
1:A:117:ILE:C	1:A:119:LEU:H	0.41	2.18	4	1
1:A:46:ILE:HG21	1:A:170:ASP:HB2	0.41	1.92	5	1
1:A:19:LEU:HD12	1:A:114:GLY:O	0.41	2.16	7	1
1:A:4:ILE:HD11	1:A:76:ASP:CB	0.41	2.45	8	1
1:A:116:GLN:H	1:A:158:SER:CB	0.41	2.27	11	1
1:A:110:PHE:C	1:A:110:PHE:CD1	0.41	2.94	12	1
1:A:45:MET:O	1:A:45:MET:CG	0.41	2.69	15	1
1:A:112:LEU:O	1:A:113:VAL:HG23	0.41	2.16	2	1
1:A:22:SER:O	1:A:162:GLN:NE2	0.41	2.36	5	1
1:A:90:PHE:CG	1:A:137:ILE:HG21	0.41	2.51	6	1
1:A:25:THR:HG22	1:A:25:THR:O	0.41	2.16	14	1
1:A:173:ILE:O	1:A:176:ALA:HB3	0.40	2.16	2	1
1:A:5:LYS:N	1:A:74:GLN:O	0.40	2.54	12	1
1:A:14:VAL:HG11	1:A:83:SER:HB3	0.40	1.92	4	1
1:A:6:CYS:CA	1:A:54:GLY:O	0.40	2.70	8	1
1:A:14:VAL:H	1:A:16:LYS:NZ	0.40	2.13	8	1
1:A:51:TYR:CD1	1:A:173:ILE:CD1	0.40	2.97	10	1
1:A:82:PHE:O	1:A:114:GLY:CA	0.40	2.70	15	1
1:A:10:GLY:H	1:A:16:LYS:NZ	0.40	2.11	3	1
1:A:138:THR:O	1:A:142:ALA:CB	0.40	2.70	3	1
1:A:146:ALA:O	1:A:150:LYS:O	0.40	2.39	4	1
1:A:36:VAL:HG13	1:A:37:PHE:H	0.40	1.75	8	1
1:A:8:VAL:HG23	1:A:16:LYS:NZ	0.40	2.32	10	1
1:A:29:PRO:HD3	1:A:159:ALA:HB3	0.40	1.93	12	1
1:A:32:TYR:O	1:A:33:VAL:C	0.40	2.59	2	1
1:A:25:THR:C	1:A:26:ASN:CG	0.40	2.80	9	1

6.3 Torsion angles [i](#)

6.3.1 Protein backbone [i](#)

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles
1	A	147/178 (83%)	105±4 (72±3%)	23±3 (16±2%)	19±4 (13±2%)	1 6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles
All	All	2205/2670 (83%)	1579 (72%)	342 (16%)	284 (13%)	1 6

All 63 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	117	ILE	15
1	A	151	ALA	15
1	A	161	THR	15
1	A	138	THR	14
1	A	165	LEU	14
1	A	139	PRO	13
1	A	22	SER	12
1	A	58	THR	9
1	A	152	VAL	9
1	A	40	TYR	8
1	A	159	ALA	8
1	A	26	ASN	8
1	A	13	ALA	8
1	A	12	GLY	7
1	A	59	ALA	7
1	A	120	ARG	7
1	A	57	ASP	7
1	A	86	SER	6
1	A	150	LYS	6
1	A	155	VAL	6
1	A	60	GLY	5
1	A	25	THR	5
1	A	87	PRO	4
1	A	106	PRO	4
1	A	119	LEU	4
1	A	47	GLY	4
1	A	14	VAL	4
1	A	15	GLY	3
1	A	116	GLN	3
1	A	160	LEU	3
1	A	162	GLN	3
1	A	84	VAL	3
1	A	140	GLU	3
1	A	24	THR	2
1	A	27	LYS	2
1	A	31	GLU	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	75	THR	2
1	A	11	ASP	2
1	A	28	LEU	2
1	A	118	ASP	2
1	A	36	VAL	2
1	A	88	SER	2
1	A	137	ILE	2
1	A	41	ALA	2
1	A	93	VAL	2
1	A	18	CYS	1
1	A	29	PRO	1
1	A	33	VAL	1
1	A	164	GLY	1
1	A	39	ASN	1
1	A	50	PRO	1
1	A	168	VAL	1
1	A	74	GLN	1
1	A	56	PHE	1
1	A	21	ILE	1
1	A	48	GLY	1
1	A	35	THR	1
1	A	89	SER	1
1	A	90	PHE	1
1	A	85	VAL	1
1	A	115	THR	1
1	A	16	LYS	1
1	A	142	ALA	1

6.3.2 Protein sidechains [i](#)

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	129/158 (82%)	113±2 (88±2%)	16±2 (12±2%)	8 51
All	All	1935/2370 (82%)	1700 (88%)	235 (12%)	8 51

All 65 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	6	CYS	14
1	A	157	CYS	14
1	A	138	THR	13
1	A	108	THR	12
1	A	110	PHE	11
1	A	3	THR	10
1	A	86	SER	9
1	A	105	CYS	8
1	A	22	SER	6
1	A	52	THR	6
1	A	154	TYR	6
1	A	25	THR	6
1	A	155	VAL	6
1	A	81	CYS	6
1	A	40	TYR	5
1	A	161	THR	5
1	A	98	VAL	4
1	A	28	LEU	4
1	A	117	ILE	4
1	A	156	GLU	4
1	A	90	PHE	4
1	A	24	THR	4
1	A	158	SER	3
1	A	16	LYS	3
1	A	53	LEU	3
1	A	23	TYR	3
1	A	77	VAL	3
1	A	115	THR	3
1	A	137	ILE	2
1	A	49	GLU	2
1	A	118	ASP	2
1	A	55	LEU	2
1	A	43	THR	2
1	A	169	PHE	2
1	A	20	LEU	2
1	A	113	VAL	2
1	A	153	LYS	2
1	A	19	LEU	2
1	A	26	ASN	2
1	A	58	THR	2
1	A	84	VAL	2
1	A	14	VAL	2
1	A	33	VAL	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	162	GLN	2
1	A	165	LEU	2
1	A	93	VAL	2
1	A	119	LEU	2
1	A	46	ILE	1
1	A	38	ASP	1
1	A	95	GLU	1
1	A	149	LEU	1
1	A	173	ILE	1
1	A	85	VAL	1
1	A	8	VAL	1
1	A	111	LEU	1
1	A	152	VAL	1
1	A	160	LEU	1
1	A	35	THR	1
1	A	45	MET	1
1	A	89	SER	1
1	A	27	LYS	1
1	A	170	ASP	1
1	A	57	ASP	1
1	A	120	ARG	1
1	A	145	LEU	1

6.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no monosaccharides 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