



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Feb 7, 2022 – 07:40 PM EST

PDB ID : 1B22
Title : RAD51 (N-TERMINAL DOMAIN)
Authors : Aihara, H.; Ito, Y.; Kurumizaka, H.; Yokoyama, S.; Shibata, T.; RIKEN
Structural Genomics/Proteomics Initiative (RSGI)
Deposited on : 1998-12-04

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 : 2.26
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.26

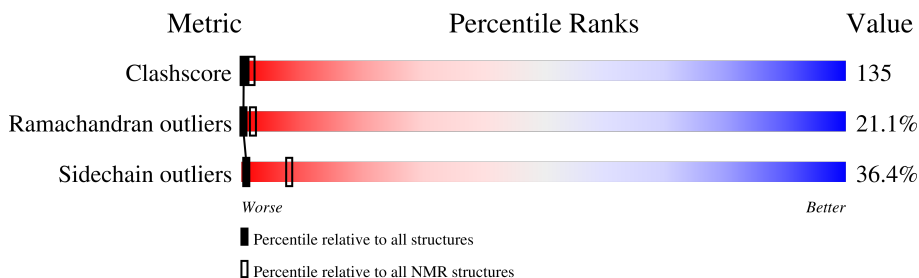
1 Overall quality at a glance

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	114	

2 Ensemble composition and analysis i

This entry contains 30 models. Model 8 is the overall representative, medoid model (most similar to other models).

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

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:24-A:82 (59)	0.35	8

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

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

The models can be grouped into 4 clusters and 2 single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	2, 4, 8, 12, 15, 17, 19, 20, 21, 23, 24, 28, 29
2	1, 6, 7, 9, 11, 13, 14, 22, 25, 27, 30
3	16, 26
4	3, 5
Single-model clusters	10; 18

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 1067 atoms, of which 539 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called DNA REPAIR PROTEIN RAD51.

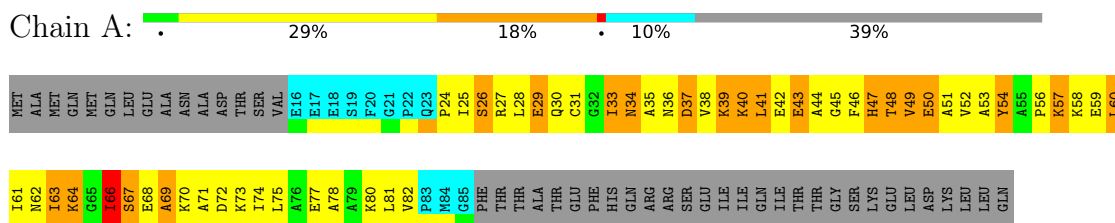
Mol	Chain	Residues	Atoms					Trace	
			Total	C	H	N	O		S
1	A	70	1067	334	539	88	104	2	0

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: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

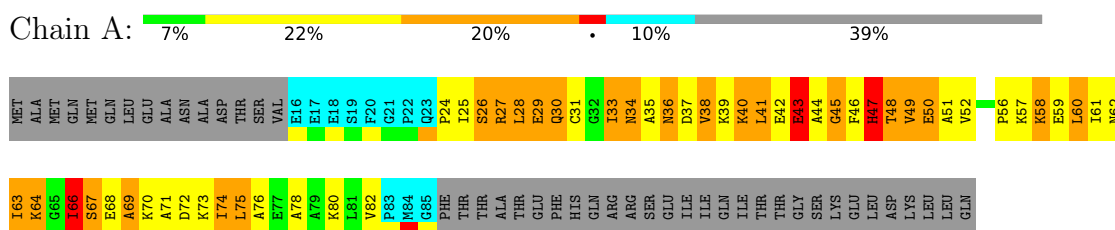


4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

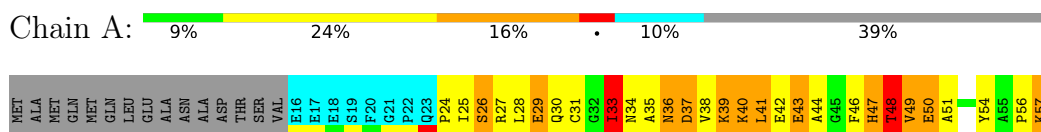
4.2.1 Score per residue for model 1

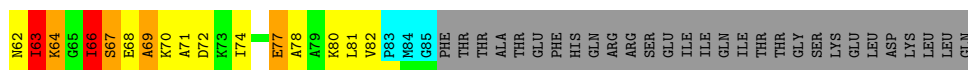
- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51



4.2.2 Score per residue for model 2

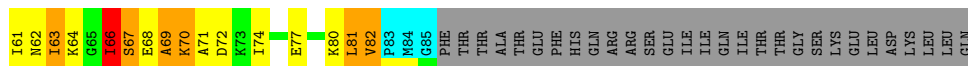
- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51





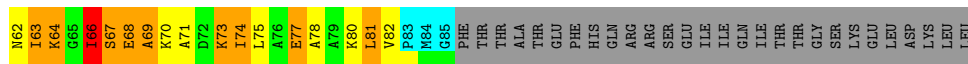
4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51



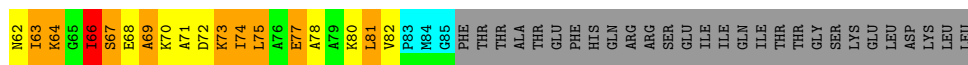
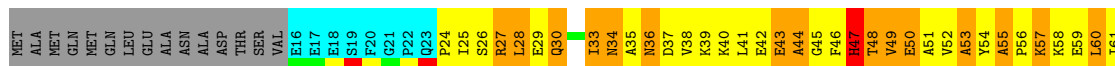
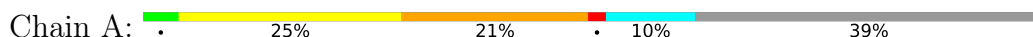
4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51



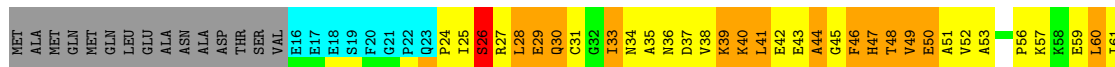
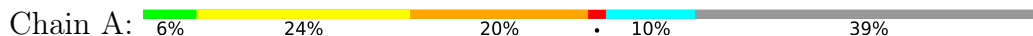
4.2.5 Score per residue for model 5

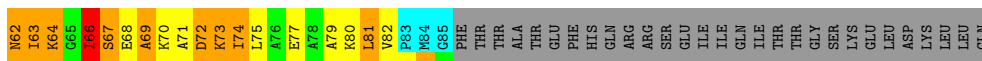
- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51



4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

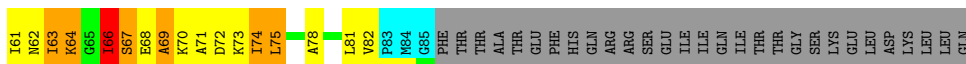




4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

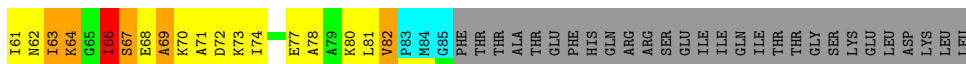
Chain A: 7% 22% 18% 10% 39%



4.2.8 Score per residue for model 8 (medoid)

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

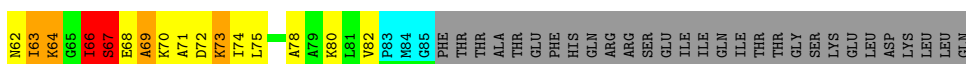
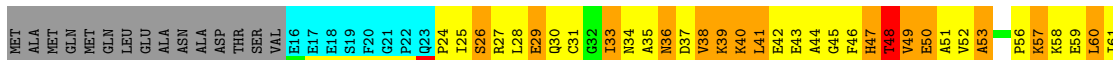
Chain A: 30% 17% 10% 39%



4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

Chain A: 7% 26% 16% 10% 39%

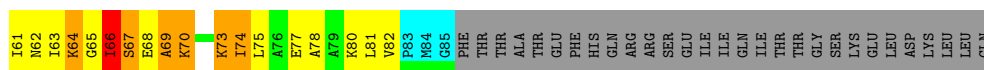


4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

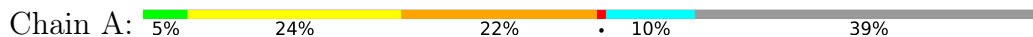
Chain A: 9% 23% 15% 5% 10% 39%





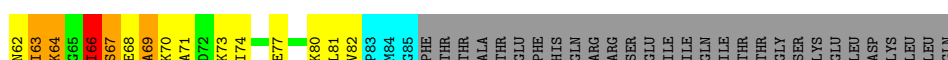
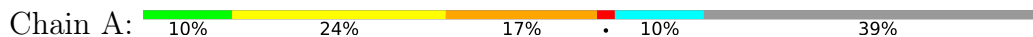
4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51



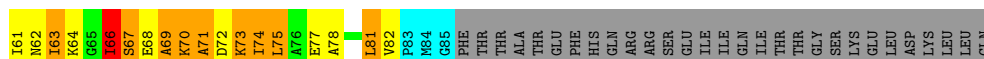
4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51



4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51



4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51





4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

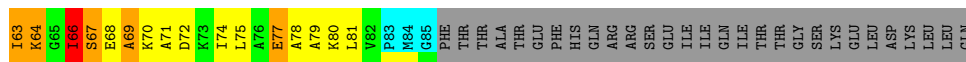
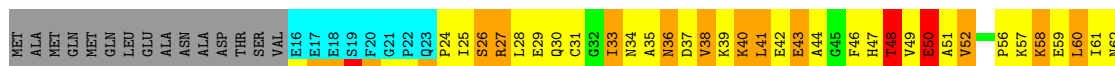
Chain A: 5% 24% 20% • 10% 39%



4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

Chain A: 8% 27% 14% • 10% 39%



4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

Chain A: 5% 22% 21% • 10% 39%

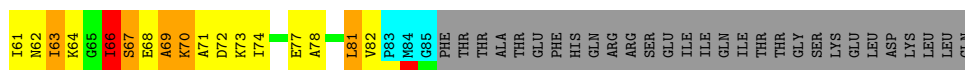


4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

Chain A: 8% 26% 13% • 10% 39%

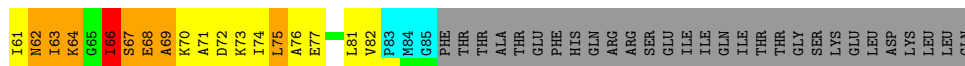




4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

Chain A: 5% 29% 16% • 10% 39%



4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

Chain A: 9% 25% 15% • 10% 39%



4.2.21 Score per residue for model 21

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

Chain A: 7% 18% 24% • 10% 39%

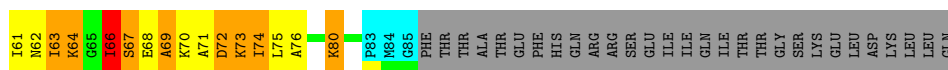


4.2.22 Score per residue for model 22

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51

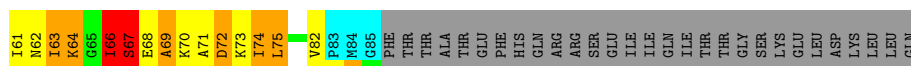
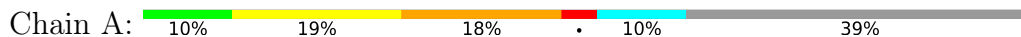
Chain A: 5% 26% 17% • 10% 39%





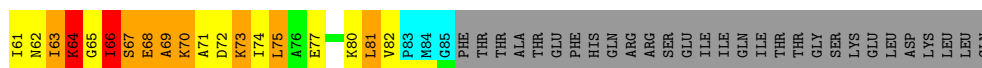
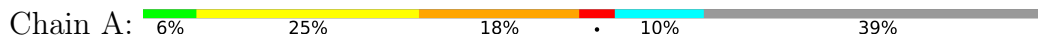
4.2.27 Score per residue for model 27

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51



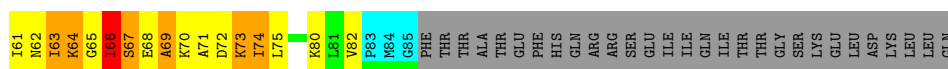
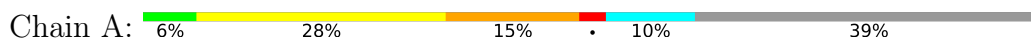
4.2.28 Score per residue for model 28

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51



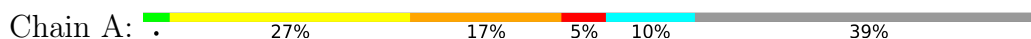
4.2.29 Score per residue for model 29

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51



4.2.30 Score per residue for model 30

- Molecule 1: DNA REPAIR PROTEIN RAD51



I61	M62	I63	K64	G65	I66	S67	E68	A69	K70	A71	D72	K73	I74	L75	A76	E77	A78	A79	K80	L81	V82	P83	M84	G85	PHE	THR	THR	THR	ALA	ALA	THR	THR	GLU	PHE	HIS	GLN	GLN	ARG	ARG	SER	SER	GLU	GLU	ILE	ILE	GLN	GLN	ILE	ILE	THR	THR	THR	GLY	SER	SER	LYS	LYS	GLU	GLU	LEU	LEU	ASP	LYS	LYS	LEU	LEU	LEU	LEU	GLN	GLN
-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----

5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *RANDOM SIMULATED ANNEALING*.

Of the 140 calculated structures, 30 were deposited, based on the following criterion: *LEAST TARGET FUNCTION VALUES*.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR	refinement	3.851
X-PLOR	structure solution	

No chemical shift data was provided.

6 Model quality i

6.1 Standard geometry i

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 i

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in each chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogen atoms added and optimized by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes averaged over the ensemble.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes
1	A	445	470	470	124±8
All	All	13350	14100	14100	3711

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 135.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:ILE:HG21	1:A:74:ILE:HD11	1.12	1.12	21	8
1:A:66:ILE:HG22	1:A:69:ALA:HB3	1.10	1.21	20	30
1:A:44:ALA:HB1	1:A:46:PHE:CZ	1.03	1.88	11	2
1:A:44:ALA:HB3	1:A:46:PHE:CE1	1.02	1.90	25	25
1:A:28:LEU:HD11	1:A:82:VAL:HG21	1.01	1.32	11	1
1:A:46:PHE:CE2	1:A:60:LEU:HD13	1.00	1.90	13	2
1:A:43:GLU:CB	1:A:63:ILE:HD13	0.98	1.87	26	14
1:A:28:LEU:HD21	1:A:81:LEU:HD23	0.97	1.28	19	1
1:A:37:ASP:HA	1:A:41:LEU:HD23	0.96	1.37	16	28
1:A:33:ILE:HG21	1:A:74:ILE:CD1	0.96	1.91	21	6
1:A:44:ALA:HB3	1:A:46:PHE:CE2	0.96	1.95	7	3
1:A:35:ALA:HB3	1:A:70:LYS:CG	0.95	1.92	29	10
1:A:44:ALA:HB1	1:A:46:PHE:CE2	0.94	1.96	11	1
1:A:49:VAL:HG12	1:A:53:ALA:HB3	0.93	1.40	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:28:LEU:HD21	1:A:81:LEU:CD2	0.92	1.94	19	1
1:A:25:ILE:HD11	1:A:46:PHE:O	0.91	1.64	15	17
1:A:43:GLU:HB2	1:A:63:ILE:HD13	0.91	1.43	4	11
1:A:61:ILE:HG22	1:A:70:LYS:CE	0.90	1.96	22	3
1:A:40:LYS:HD2	1:A:60:LEU:HD21	0.89	1.43	2	14
1:A:66:ILE:HD13	1:A:70:LYS:CE	0.89	1.98	20	5
1:A:35:ALA:HB3	1:A:70:LYS:CE	0.89	1.97	14	1
1:A:36:ASN:ND2	1:A:74:ILE:HD13	0.88	1.84	16	5
1:A:66:ILE:HG21	1:A:70:LYS:HG2	0.88	1.45	24	11
1:A:44:ALA:HB3	1:A:46:PHE:CZ	0.88	2.04	13	18
1:A:28:LEU:CB	1:A:74:ILE:HD11	0.88	1.98	5	2
1:A:25:ILE:HD12	1:A:29:GLU:HG2	0.87	1.46	26	8
1:A:46:PHE:CG	1:A:60:LEU:HD22	0.87	2.04	1	10
1:A:66:ILE:HD13	1:A:70:LYS:HD3	0.87	1.43	13	2
1:A:66:ILE:CG2	1:A:69:ALA:HB3	0.86	2.00	7	27
1:A:25:ILE:HG21	1:A:51:ALA:HB2	0.86	1.46	3	5
1:A:46:PHE:CE1	1:A:60:LEU:HD13	0.86	2.04	29	18
1:A:81:LEU:O	1:A:81:LEU:HD13	0.86	1.70	8	2
1:A:43:GLU:HG2	1:A:63:ILE:HG21	0.86	1.47	28	4
1:A:35:ALA:HB3	1:A:70:LYS:HE2	0.86	1.46	14	1
1:A:61:ILE:HD12	1:A:62:ASN:N	0.86	1.84	17	30
1:A:43:GLU:CG	1:A:63:ILE:HG21	0.86	2.01	8	13
1:A:61:ILE:HD13	1:A:66:ILE:O	0.86	1.71	29	28
1:A:25:ILE:HD12	1:A:29:GLU:OE1	0.85	1.71	28	2
1:A:33:ILE:HG23	1:A:36:ASN:OD1	0.85	1.71	2	1
1:A:43:GLU:HB3	1:A:63:ILE:HD13	0.84	1.48	18	11
1:A:61:ILE:O	1:A:66:ILE:HD12	0.84	1.72	13	16
1:A:66:ILE:HG21	1:A:70:LYS:HG3	0.83	1.50	3	2
1:A:48:THR:O	1:A:49:VAL:HG13	0.83	1.73	10	1
1:A:60:LEU:O	1:A:63:ILE:HD12	0.83	1.71	30	13
1:A:61:ILE:HG22	1:A:70:LYS:NZ	0.83	1.87	16	4
1:A:66:ILE:HG21	1:A:70:LYS:CG	0.82	2.04	3	2
1:A:35:ALA:HB3	1:A:70:LYS:HD2	0.82	1.50	11	5
1:A:28:LEU:HB3	1:A:74:ILE:HD11	0.82	1.51	6	3
1:A:49:VAL:CG1	1:A:53:ALA:HB3	0.82	2.04	5	1
1:A:46:PHE:CD2	1:A:60:LEU:HD22	0.81	2.10	7	4
1:A:41:LEU:HD12	1:A:41:LEU:O	0.81	1.76	25	10
1:A:43:GLU:HG3	1:A:63:ILE:HG21	0.80	1.49	5	8
1:A:43:GLU:HB2	1:A:63:ILE:HG21	0.80	1.51	27	1
1:A:33:ILE:HG23	1:A:34:ASN:N	0.80	1.90	27	30
1:A:33:ILE:HD11	1:A:77:GLU:OE1	0.80	1.76	19	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:LYS:HG2	1:A:60:LEU:HD21	0.79	1.53	8	7
1:A:60:LEU:HD12	1:A:60:LEU:C	0.79	1.97	14	30
1:A:25:ILE:HD13	1:A:51:ALA:HB2	0.79	1.52	8	8
1:A:44:ALA:HB1	1:A:46:PHE:CE1	0.79	2.13	6	2
1:A:66:ILE:HD12	1:A:70:LYS:HD3	0.78	1.54	19	2
1:A:35:ALA:HB3	1:A:70:LYS:CD	0.78	2.08	11	11
1:A:29:GLU:OE2	1:A:41:LEU:HD22	0.78	1.78	21	2
1:A:35:ALA:HB3	1:A:70:LYS:HG3	0.78	1.55	28	8
1:A:66:ILE:HG22	1:A:69:ALA:CB	0.77	2.08	16	26
1:A:66:ILE:HD13	1:A:70:LYS:HD2	0.77	1.56	10	1
1:A:28:LEU:HD21	1:A:82:VAL:HG21	0.77	1.56	4	2
1:A:60:LEU:O	1:A:63:ILE:HG23	0.77	1.79	28	4
1:A:63:ILE:HG22	1:A:64:LYS:N	0.77	1.94	8	25
1:A:43:GLU:CG	1:A:63:ILE:HD13	0.77	2.09	27	3
1:A:61:ILE:CG2	1:A:71:ALA:HB2	0.76	2.11	2	29
1:A:43:GLU:CB	1:A:63:ILE:HG21	0.76	2.11	1	9
1:A:66:ILE:HG21	1:A:70:LYS:HD2	0.76	1.58	14	3
1:A:33:ILE:HG23	1:A:34:ASN:H	0.76	1.41	28	30
1:A:47:HIS:O	1:A:48:THR:HG23	0.75	1.81	11	6
1:A:66:ILE:HD12	1:A:70:LYS:CD	0.75	2.10	8	2
1:A:40:LYS:CD	1:A:60:LEU:HD21	0.75	2.12	3	10
1:A:82:VAL:O	1:A:82:VAL:HG13	0.74	1.82	12	9
1:A:28:LEU:CD1	1:A:81:LEU:HD12	0.74	2.13	24	1
1:A:66:ILE:HD13	1:A:70:LYS:HE3	0.73	1.60	16	3
1:A:61:ILE:HG22	1:A:70:LYS:HE3	0.73	1.58	22	2
1:A:28:LEU:HG	1:A:33:ILE:HD13	0.73	1.60	24	2
1:A:46:PHE:CE1	1:A:60:LEU:HD22	0.73	2.19	20	3
1:A:43:GLU:OE1	1:A:60:LEU:HD11	0.72	1.84	22	1
1:A:48:THR:HG22	1:A:48:THR:O	0.72	1.83	16	1
1:A:25:ILE:HG13	1:A:51:ALA:HB3	0.72	1.62	10	4
1:A:82:VAL:HG12	1:A:82:VAL:O	0.71	1.85	11	3
1:A:43:GLU:HB2	1:A:63:ILE:HD12	0.71	1.59	11	2
1:A:46:PHE:CD1	1:A:60:LEU:HD22	0.71	2.21	25	11
1:A:43:GLU:HG2	1:A:63:ILE:HD13	0.71	1.61	30	2
1:A:61:ILE:HG22	1:A:70:LYS:HD2	0.71	1.61	17	2
1:A:74:ILE:HG22	1:A:75:LEU:HD12	0.71	1.63	14	1
1:A:61:ILE:HD12	1:A:61:ILE:C	0.71	2.05	20	29
1:A:25:ILE:HG21	1:A:74:ILE:HD12	0.71	1.62	13	1
1:A:35:ALA:HB3	1:A:70:LYS:HG2	0.70	1.63	29	3
1:A:61:ILE:HD13	1:A:66:ILE:C	0.70	2.06	2	21
1:A:37:ASP:CA	1:A:41:LEU:HD23	0.70	2.14	16	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:29:GLU:HB3	1:A:74:ILE:HD11	0.70	1.63	14	7
1:A:25:ILE:HD11	1:A:47:HIS:HA	0.70	1.62	27	3
1:A:25:ILE:CD1	1:A:51:ALA:HB2	0.69	2.17	30	3
1:A:35:ALA:HB1	1:A:70:LYS:HZ2	0.69	1.46	26	1
1:A:52:VAL:HG22	1:A:52:VAL:O	0.69	1.87	5	3
1:A:44:ALA:CB	1:A:46:PHE:CZ	0.69	2.76	6	23
1:A:61:ILE:HD13	1:A:67:SER:N	0.69	2.03	20	1
1:A:43:GLU:HA	1:A:63:ILE:HG21	0.69	1.64	10	1
1:A:52:VAL:O	1:A:52:VAL:HG13	0.69	1.86	14	6
1:A:41:LEU:HD13	1:A:47:HIS:CD2	0.69	2.23	24	2
1:A:66:ILE:HD12	1:A:70:LYS:CE	0.68	2.17	8	3
1:A:75:LEU:C	1:A:75:LEU:HD12	0.68	2.08	26	2
1:A:25:ILE:HG21	1:A:51:ALA:CB	0.68	2.19	3	5
1:A:60:LEU:HD12	1:A:63:ILE:HD12	0.68	1.64	12	23
1:A:52:VAL:O	1:A:53:ALA:HB3	0.68	1.89	17	6
1:A:66:ILE:HD13	1:A:70:LYS:NZ	0.68	2.04	18	3
1:A:35:ALA:HB1	1:A:70:LYS:NZ	0.68	2.04	26	1
1:A:52:VAL:O	1:A:53:ALA:HB2	0.67	1.89	5	5
1:A:60:LEU:HD11	1:A:70:LYS:NZ	0.67	2.04	13	2
1:A:43:GLU:HB3	1:A:63:ILE:HG21	0.67	1.65	1	4
1:A:44:ALA:CB	1:A:46:PHE:CE1	0.67	2.77	22	24
1:A:61:ILE:HG21	1:A:71:ALA:HB2	0.67	1.66	20	11
1:A:44:ALA:CB	1:A:46:PHE:CE2	0.67	2.78	7	2
1:A:78:ALA:HA	1:A:82:VAL:HG13	0.66	1.67	18	1
1:A:81:LEU:C	1:A:81:LEU:HD13	0.66	2.10	24	1
1:A:70:LYS:CD	1:A:70:LYS:N	0.66	2.58	29	4
1:A:46:PHE:CD1	1:A:46:PHE:N	0.66	2.58	11	17
1:A:46:PHE:CZ	1:A:60:LEU:HD22	0.66	2.26	20	1
1:A:36:ASN:CG	1:A:74:ILE:HD13	0.66	2.11	21	2
1:A:40:LYS:HD3	1:A:74:ILE:HD12	0.66	1.67	9	2
1:A:67:SER:OG	1:A:68:GLU:N	0.65	2.29	15	11
1:A:57:LYS:HB2	1:A:71:ALA:HB1	0.65	1.67	5	7
1:A:36:ASN:ND2	1:A:74:ILE:HG22	0.65	2.06	13	1
1:A:66:ILE:HG21	1:A:70:LYS:HD3	0.65	1.69	18	1
1:A:61:ILE:HG21	1:A:67:SER:O	0.64	1.93	21	7
1:A:25:ILE:HG22	1:A:29:GLU:HG2	0.64	1.69	2	1
1:A:25:ILE:HD12	1:A:40:LYS:NZ	0.64	2.08	8	1
1:A:43:GLU:N	1:A:43:GLU:OE1	0.64	2.31	27	2
1:A:28:LEU:HD21	1:A:81:LEU:HD22	0.63	1.68	15	1
1:A:35:ALA:HB1	1:A:39:LYS:HE2	0.63	1.69	7	3
1:A:28:LEU:HD11	1:A:81:LEU:HD22	0.63	1.69	19	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:30:GLN:NE2	1:A:47:HIS:CD2	0.63	2.67	24	1
1:A:50:GLU:O	1:A:54:TYR:CD1	0.63	2.52	12	1
1:A:24:PRO:HG2	1:A:82:VAL:HG13	0.63	1.71	15	2
1:A:61:ILE:HG22	1:A:70:LYS:HZ2	0.63	1.54	16	1
1:A:25:ILE:HB	1:A:74:ILE:HD12	0.63	1.69	29	1
1:A:47:HIS:C	1:A:48:THR:HG22	0.62	2.14	22	15
1:A:39:LYS:O	1:A:63:ILE:HD13	0.62	1.94	24	5
1:A:33:ILE:HG23	1:A:34:ASN:OD1	0.62	1.94	28	1
1:A:28:LEU:CD1	1:A:82:VAL:HG21	0.62	2.19	11	1
1:A:40:LYS:HE2	1:A:74:ILE:HD12	0.62	1.69	24	1
1:A:36:ASN:CB	1:A:74:ILE:HD11	0.62	2.25	3	3
1:A:66:ILE:HD13	1:A:70:LYS:CD	0.62	2.22	13	2
1:A:51:ALA:O	1:A:52:VAL:HG23	0.62	1.94	27	1
1:A:66:ILE:HG21	1:A:70:LYS:CD	0.62	2.24	14	3
1:A:46:PHE:O	1:A:48:THR:N	0.61	2.33	22	26
1:A:29:GLU:HA	1:A:33:ILE:CG2	0.61	2.25	3	30
1:A:60:LEU:HD12	1:A:63:ILE:HD13	0.61	1.70	11	5
1:A:36:ASN:ND2	1:A:74:ILE:HG23	0.61	2.09	22	1
1:A:29:GLU:HB2	1:A:74:ILE:HD13	0.61	1.72	2	1
1:A:57:LYS:O	1:A:61:ILE:HG23	0.61	1.94	20	9
1:A:54:TYR:O	1:A:55:ALA:HB2	0.61	1.94	5	1
1:A:52:VAL:O	1:A:52:VAL:HG23	0.61	1.95	22	1
1:A:41:LEU:HD12	1:A:41:LEU:C	0.61	2.16	25	9
1:A:61:ILE:HG22	1:A:70:LYS:HE2	0.61	1.73	12	1
1:A:82:VAL:HG13	1:A:82:VAL:O	0.61	1.95	15	1
1:A:43:GLU:CA	1:A:63:ILE:HG21	0.61	2.25	10	1
1:A:47:HIS:CG	1:A:47:HIS:O	0.60	2.54	10	1
1:A:57:LYS:O	1:A:61:ILE:CG1	0.60	2.49	12	30
1:A:36:ASN:ND2	1:A:74:ILE:CD1	0.60	2.64	25	3
1:A:60:LEU:CD1	1:A:63:ILE:HD13	0.60	2.26	11	5
1:A:25:ILE:HD13	1:A:51:ALA:CB	0.60	2.26	30	2
1:A:36:ASN:CA	1:A:40:LYS:HB2	0.60	2.27	18	30
1:A:40:LYS:HD2	1:A:74:ILE:HD13	0.60	1.73	18	1
1:A:25:ILE:HD11	1:A:48:THR:N	0.60	2.11	27	3
1:A:38:VAL:O	1:A:42:GLU:CB	0.60	2.50	21	24
1:A:78:ALA:O	1:A:82:VAL:HG12	0.59	1.97	1	1
1:A:48:THR:HG23	1:A:50:GLU:HB2	0.59	1.74	4	4
1:A:40:LYS:O	1:A:46:PHE:CD2	0.59	2.55	4	2
1:A:33:ILE:CG2	1:A:34:ASN:N	0.59	2.66	10	30
1:A:36:ASN:HD22	1:A:74:ILE:HD13	0.59	1.57	16	1
1:A:38:VAL:O	1:A:42:GLU:CG	0.59	2.50	29	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:74:ILE:HG22	1:A:75:LEU:N	0.59	2.11	7	11
1:A:61:ILE:CD1	1:A:62:ASN:N	0.59	2.65	17	27
1:A:71:ALA:O	1:A:74:ILE:CG1	0.59	2.51	13	1
1:A:57:LYS:CD	1:A:58:LYS:N	0.59	2.65	26	1
1:A:74:ILE:CG2	1:A:75:LEU:N	0.59	2.66	16	14
1:A:66:ILE:CD1	1:A:70:LYS:CE	0.58	2.81	1	3
1:A:53:ALA:O	1:A:54:TYR:CD2	0.58	2.57	18	2
1:A:28:LEU:HD11	1:A:82:VAL:CG2	0.58	2.21	11	1
1:A:24:PRO:HG2	1:A:82:VAL:HG11	0.58	1.73	20	1
1:A:26:SER:O	1:A:30:GLN:CB	0.58	2.51	21	24
1:A:39:LYS:O	1:A:43:GLU:CG	0.58	2.52	10	12
1:A:36:ASN:O	1:A:37:ASP:C	0.58	2.41	4	30
1:A:47:HIS:CD2	1:A:47:HIS:O	0.58	2.57	9	5
1:A:57:LYS:HB3	1:A:71:ALA:HB1	0.58	1.75	11	3
1:A:40:LYS:HA	1:A:60:LEU:HD11	0.58	1.76	17	4
1:A:66:ILE:HD12	1:A:70:LYS:HG2	0.58	1.74	17	1
1:A:66:ILE:CG2	1:A:69:ALA:CB	0.58	2.79	1	20
1:A:43:GLU:CB	1:A:63:ILE:CD1	0.58	2.81	13	5
1:A:63:ILE:CG2	1:A:64:LYS:N	0.58	2.67	3	20
1:A:54:TYR:CD1	1:A:54:TYR:N	0.58	2.72	12	1
1:A:28:LEU:N	1:A:28:LEU:HD22	0.57	2.14	4	3
1:A:36:ASN:N	1:A:36:ASN:OD1	0.57	2.37	10	2
1:A:37:ASP:O	1:A:41:LEU:CD2	0.57	2.52	10	15
1:A:36:ASN:ND2	1:A:70:LYS:O	0.57	2.38	12	23
1:A:60:LEU:HG	1:A:61:ILE:N	0.57	2.14	3	30
1:A:58:LYS:O	1:A:61:ILE:HD11	0.57	2.00	30	18
1:A:25:ILE:HG23	1:A:74:ILE:HD12	0.57	1.73	4	1
1:A:36:ASN:ND2	1:A:74:ILE:CG2	0.57	2.66	13	1
1:A:48:THR:O	1:A:48:THR:CG2	0.57	2.52	16	1
1:A:48:THR:O	1:A:50:GLU:N	0.57	2.36	16	25
1:A:61:ILE:HD13	1:A:67:SER:CA	0.57	2.28	20	23
1:A:48:THR:HG21	1:A:50:GLU:OE2	0.57	2.00	23	1
1:A:37:ASP:HA	1:A:41:LEU:CD1	0.57	2.29	5	1
1:A:50:GLU:O	1:A:54:TYR:CG	0.57	2.57	12	1
1:A:25:ILE:HD11	1:A:47:HIS:CA	0.57	2.29	27	2
1:A:70:LYS:CG	1:A:71:ALA:N	0.56	2.68	8	7
1:A:40:LYS:CD	1:A:74:ILE:CD1	0.56	2.83	18	2
1:A:47:HIS:O	1:A:48:THR:CG2	0.56	2.53	28	4
1:A:25:ILE:HG22	1:A:29:GLU:CD	0.56	2.20	3	1
1:A:43:GLU:HB3	1:A:63:ILE:CD1	0.56	2.29	10	10
1:A:30:GLN:NE2	1:A:47:HIS:NE2	0.56	2.54	24	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:27:ARG:O	1:A:31:CYS:CB	0.56	2.53	27	22
1:A:45:GLY:O	1:A:47:HIS:N	0.56	2.38	6	2
1:A:26:SER:O	1:A:30:GLN:CG	0.56	2.54	17	5
1:A:39:LYS:O	1:A:43:GLU:OE1	0.56	2.23	27	2
1:A:25:ILE:HD13	1:A:29:GLU:HG2	0.56	1.78	27	2
1:A:74:ILE:CD1	1:A:78:ALA:HB2	0.56	2.31	5	1
1:A:28:LEU:CD1	1:A:78:ALA:HB2	0.56	2.31	25	1
1:A:43:GLU:N	1:A:43:GLU:CD	0.56	2.59	27	1
1:A:33:ILE:HG22	1:A:37:ASP:HB2	0.56	1.77	2	1
1:A:59:GLU:O	1:A:62:ASN:CB	0.56	2.54	28	23
1:A:46:PHE:CB	1:A:60:LEU:HD22	0.56	2.30	1	1
1:A:36:ASN:HB3	1:A:74:ILE:HD11	0.56	1.76	3	1
1:A:46:PHE:HD2	1:A:60:LEU:HD22	0.55	1.59	11	2
1:A:40:LYS:CG	1:A:70:LYS:HG3	0.55	2.31	22	1
1:A:47:HIS:O	1:A:48:THR:CB	0.55	2.55	3	21
1:A:68:GLU:O	1:A:72:ASP:CB	0.55	2.55	24	18
1:A:66:ILE:HD13	1:A:70:LYS:HE2	0.55	1.77	12	1
1:A:29:GLU:HA	1:A:33:ILE:HG21	0.55	1.77	3	2
1:A:40:LYS:CD	1:A:74:ILE:HD12	0.55	2.31	9	2
1:A:36:ASN:OD1	1:A:36:ASN:N	0.55	2.39	5	6
1:A:57:LYS:NZ	1:A:75:LEU:HD22	0.55	2.16	19	1
1:A:24:PRO:O	1:A:26:SER:N	0.55	2.38	26	6
1:A:40:LYS:O	1:A:46:PHE:CD1	0.55	2.59	16	9
1:A:47:HIS:CD2	1:A:47:HIS:N	0.55	2.73	19	4
1:A:78:ALA:HA	1:A:82:VAL:HG12	0.55	1.77	17	4
1:A:45:GLY:O	1:A:47:HIS:CD2	0.55	2.60	5	3
1:A:36:ASN:HB2	1:A:74:ILE:HD11	0.55	1.79	2	1
1:A:77:GLU:O	1:A:81:LEU:CB	0.54	2.55	18	11
1:A:36:ASN:OD1	1:A:70:LYS:CB	0.54	2.54	27	3
1:A:66:ILE:O	1:A:67:SER:CB	0.54	2.54	20	9
1:A:54:TYR:CG	1:A:55:ALA:N	0.54	2.76	12	2
1:A:43:GLU:N	1:A:43:GLU:OE2	0.54	2.39	1	1
1:A:66:ILE:CG1	1:A:70:LYS:HE3	0.54	2.32	1	1
1:A:40:LYS:O	1:A:46:PHE:CE2	0.54	2.59	4	2
1:A:25:ILE:CD1	1:A:25:ILE:N	0.54	2.70	16	1
1:A:43:GLU:OE2	1:A:63:ILE:CG2	0.54	2.55	26	5
1:A:70:LYS:HG3	1:A:71:ALA:N	0.54	2.17	8	6
1:A:62:ASN:O	1:A:63:ILE:O	0.54	2.26	14	7
1:A:49:VAL:CG1	1:A:49:VAL:O	0.54	2.55	24	2
1:A:29:GLU:OE1	1:A:40:LYS:CE	0.54	2.56	15	3
1:A:53:ALA:O	1:A:54:TYR:CB	0.54	2.55	5	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:29:GLU:HG3	1:A:30:GLN:N	0.54	2.18	15	10
1:A:38:VAL:O	1:A:42:GLU:HB2	0.54	2.02	29	16
1:A:49:VAL:O	1:A:51:ALA:N	0.54	2.41	23	23
1:A:28:LEU:N	1:A:28:LEU:CD2	0.54	2.71	13	3
1:A:36:ASN:HA	1:A:40:LYS:HB2	0.54	1.78	9	17
1:A:48:THR:OG1	1:A:49:VAL:N	0.54	2.40	13	10
1:A:43:GLU:OE2	1:A:63:ILE:HG21	0.53	2.02	7	3
1:A:40:LYS:HG2	1:A:70:LYS:CG	0.53	2.33	10	2
1:A:60:LEU:C	1:A:60:LEU:CD1	0.53	2.71	9	24
1:A:26:SER:OG	1:A:27:ARG:N	0.53	2.42	4	3
1:A:46:PHE:CD1	1:A:60:LEU:HD13	0.53	2.39	5	3
1:A:36:ASN:OD1	1:A:70:LYS:CA	0.53	2.56	13	2
1:A:70:LYS:N	1:A:70:LYS:HD3	0.53	2.17	29	7
1:A:29:GLU:CB	1:A:74:ILE:HD11	0.53	2.33	30	3
1:A:66:ILE:O	1:A:67:SER:HB3	0.53	2.03	22	11
1:A:68:GLU:CG	1:A:72:ASP:OD2	0.53	2.57	17	1
1:A:52:VAL:HG13	1:A:53:ALA:H	0.53	1.63	24	1
1:A:61:ILE:CG2	1:A:70:LYS:NZ	0.53	2.72	22	2
1:A:52:VAL:HG12	1:A:53:ALA:N	0.53	2.19	23	2
1:A:61:ILE:O	1:A:63:ILE:N	0.53	2.41	20	17
1:A:29:GLU:OE2	1:A:30:GLN:N	0.53	2.42	8	2
1:A:81:LEU:HD13	1:A:81:LEU:C	0.53	2.24	8	1
1:A:53:ALA:O	1:A:55:ALA:N	0.53	2.42	30	7
1:A:46:PHE:CE2	1:A:60:LEU:CD1	0.53	2.81	13	1
1:A:25:ILE:HG13	1:A:48:THR:N	0.53	2.19	26	8
1:A:36:ASN:O	1:A:40:LYS:N	0.53	2.42	8	26
1:A:47:HIS:O	1:A:48:THR:HB	0.53	2.04	5	23
1:A:29:GLU:OE2	1:A:47:HIS:CB	0.53	2.57	22	5
1:A:40:LYS:C	1:A:43:GLU:OE1	0.53	2.48	27	1
1:A:51:ALA:O	1:A:52:VAL:CG2	0.53	2.57	27	1
1:A:39:LYS:O	1:A:43:GLU:HG3	0.53	2.04	1	4
1:A:42:GLU:O	1:A:44:ALA:N	0.53	2.42	5	3
1:A:61:ILE:HB	1:A:67:SER:N	0.53	2.18	10	13
1:A:55:ALA:HB1	1:A:59:GLU:OE1	0.53	2.04	8	1
1:A:49:VAL:O	1:A:52:VAL:HG12	0.53	2.04	4	2
1:A:44:ALA:HB1	1:A:46:PHE:CD2	0.53	2.37	11	1
1:A:40:LYS:HD2	1:A:74:ILE:CD1	0.53	2.34	18	1
1:A:64:LYS:HB2	1:A:66:ILE:HD11	0.53	1.79	22	1
1:A:56:PRO:O	1:A:59:GLU:N	0.52	2.42	23	21
1:A:60:LEU:HD12	1:A:60:LEU:O	0.52	2.04	17	26
1:A:33:ILE:N	1:A:37:ASP:OD1	0.52	2.42	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:ILE:CG1	1:A:48:THR:N	0.52	2.72	14	3
1:A:34:ASN:ND2	1:A:73:LYS:CG	0.52	2.72	20	1
1:A:57:LYS:O	1:A:61:ILE:HG13	0.52	2.05	20	19
1:A:25:ILE:HD12	1:A:40:LYS:HE2	0.52	1.81	22	2
1:A:60:LEU:HD11	1:A:70:LYS:HZ1	0.52	1.63	13	1
1:A:26:SER:O	1:A:28:LEU:N	0.52	2.43	10	1
1:A:36:ASN:C	1:A:40:LYS:HB2	0.52	2.24	22	14
1:A:36:ASN:ND2	1:A:74:ILE:HG13	0.52	2.20	18	3
1:A:41:LEU:O	1:A:45:GLY:HA2	0.52	2.05	11	11
1:A:37:ASP:HA	1:A:41:LEU:CD2	0.52	2.33	24	2
1:A:50:GLU:O	1:A:52:VAL:N	0.52	2.41	11	9
1:A:74:ILE:O	1:A:78:ALA:CB	0.52	2.57	22	4
1:A:64:LYS:O	1:A:64:LYS:CE	0.52	2.57	14	2
1:A:25:ILE:CG1	1:A:48:THR:O	0.52	2.57	13	3
1:A:40:LYS:N	1:A:70:LYS:HE3	0.52	2.19	13	1
1:A:48:THR:CG2	1:A:50:GLU:OE2	0.52	2.58	23	1
1:A:26:SER:O	1:A:30:GLN:HB3	0.52	2.05	22	24
1:A:43:GLU:OE2	1:A:66:ILE:CD1	0.52	2.58	22	2
1:A:37:ASP:OD1	1:A:38:VAL:N	0.52	2.43	23	3
1:A:49:VAL:O	1:A:52:VAL:HG23	0.52	2.04	21	1
1:A:43:GLU:CD	1:A:60:LEU:HD11	0.52	2.24	22	1
1:A:29:GLU:HA	1:A:33:ILE:HG22	0.52	1.80	25	16
1:A:47:HIS:O	1:A:47:HIS:ND1	0.52	2.43	7	1
1:A:43:GLU:CG	1:A:63:ILE:HG12	0.52	2.35	29	4
1:A:82:VAL:O	1:A:82:VAL:CG1	0.52	2.56	22	7
1:A:30:GLN:OE1	1:A:47:HIS:ND1	0.52	2.43	2	1
1:A:29:GLU:OE1	1:A:30:GLN:N	0.52	2.43	4	1
1:A:39:LYS:NZ	1:A:66:ILE:HD13	0.51	2.20	4	1
1:A:24:PRO:HG2	1:A:82:VAL:HG22	0.51	1.82	27	1
1:A:29:GLU:OE2	1:A:47:HIS:CA	0.51	2.58	24	2
1:A:29:GLU:CG	1:A:30:GLN:N	0.51	2.72	15	2
1:A:43:GLU:HG2	1:A:63:ILE:CG2	0.51	2.35	22	1
1:A:25:ILE:O	1:A:26:SER:C	0.51	2.49	24	17
1:A:77:GLU:OE1	1:A:78:ALA:N	0.51	2.42	4	1
1:A:29:GLU:OE2	1:A:48:THR:N	0.51	2.43	3	1
1:A:38:VAL:O	1:A:42:GLU:HB3	0.51	2.05	7	24
1:A:39:LYS:O	1:A:40:LYS:C	0.51	2.47	10	7
1:A:52:VAL:O	1:A:52:VAL:CG2	0.51	2.58	5	2
1:A:43:GLU:HG2	1:A:63:ILE:CG1	0.51	2.36	20	3
1:A:43:GLU:CG	1:A:44:ALA:N	0.51	2.73	2	1
1:A:41:LEU:O	1:A:45:GLY:N	0.51	2.43	3	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:ILE:CD1	1:A:29:GLU:HG2	0.51	2.35	27	4
1:A:71:ALA:O	1:A:74:ILE:HG22	0.51	2.05	28	1
1:A:43:GLU:O	1:A:44:ALA:HB2	0.51	2.05	13	4
1:A:37:ASP:OD1	1:A:41:LEU:CD2	0.51	2.59	26	3
1:A:33:ILE:CG2	1:A:36:ASN:HB2	0.51	2.36	8	25
1:A:39:LYS:O	1:A:43:GLU:HG2	0.51	2.06	12	11
1:A:43:GLU:HG2	1:A:63:ILE:HG12	0.51	1.82	24	4
1:A:43:GLU:HG2	1:A:63:ILE:CD1	0.51	2.36	16	2
1:A:28:LEU:CD2	1:A:81:LEU:CD2	0.51	2.82	19	1
1:A:74:ILE:CD1	1:A:74:ILE:N	0.50	2.75	1	1
1:A:47:HIS:O	1:A:47:HIS:CD2	0.50	2.64	22	3
1:A:29:GLU:HG3	1:A:41:LEU:HD21	0.50	1.82	5	1
1:A:40:LYS:O	1:A:43:GLU:CD	0.50	2.50	27	1
1:A:25:ILE:O	1:A:29:GLU:CG	0.50	2.59	2	1
1:A:72:ASP:N	1:A:72:ASP:OD1	0.50	2.43	17	1
1:A:63:ILE:O	1:A:65:GLY:N	0.50	2.43	28	1
1:A:48:THR:HG23	1:A:50:GLU:HG3	0.50	1.82	1	2
1:A:60:LEU:CD1	1:A:63:ILE:HD12	0.50	2.36	17	15
1:A:40:LYS:O	1:A:46:PHE:CE1	0.50	2.65	17	7
1:A:75:LEU:O	1:A:79:ALA:HB3	0.50	2.06	11	1
1:A:71:ALA:O	1:A:74:ILE:HG13	0.50	2.05	22	2
1:A:70:LYS:HD2	1:A:70:LYS:N	0.50	2.22	14	2
1:A:61:ILE:O	1:A:66:ILE:CD1	0.50	2.56	20	1
1:A:57:LYS:HD3	1:A:58:LYS:N	0.50	2.21	26	2
1:A:52:VAL:O	1:A:52:VAL:HG12	0.50	2.07	26	1
1:A:37:ASP:O	1:A:41:LEU:HG	0.50	2.07	27	28
1:A:25:ILE:HG23	1:A:74:ILE:CD1	0.50	2.37	4	1
1:A:74:ILE:HG13	1:A:75:LEU:N	0.50	2.22	13	1
1:A:28:LEU:HD13	1:A:82:VAL:HG12	0.50	1.83	18	1
1:A:43:GLU:CD	1:A:63:ILE:CG1	0.50	2.81	2	1
1:A:26:SER:CB	1:A:47:HIS:O	0.49	2.60	5	2
1:A:30:GLN:O	1:A:30:GLN:NE2	0.49	2.45	6	1
1:A:40:LYS:N	1:A:70:LYS:CE	0.49	2.74	13	1
1:A:61:ILE:HD13	1:A:67:SER:HA	0.49	1.83	1	19
1:A:35:ALA:O	1:A:37:ASP:OD1	0.49	2.30	11	1
1:A:48:THR:HG23	1:A:50:GLU:OE1	0.49	2.06	24	1
1:A:68:GLU:HG2	1:A:72:ASP:CB	0.49	2.37	20	4
1:A:57:LYS:HG2	1:A:71:ALA:CB	0.49	2.38	26	1
1:A:52:VAL:O	1:A:52:VAL:CG1	0.49	2.61	15	2
1:A:36:ASN:CB	1:A:74:ILE:CD1	0.49	2.90	2	1
1:A:29:GLU:OE2	1:A:40:LYS:NZ	0.49	2.44	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:68:GLU:O	1:A:72:ASP:OD2	0.49	2.29	26	1
1:A:61:ILE:C	1:A:61:ILE:CD1	0.49	2.81	17	8
1:A:25:ILE:HG21	1:A:74:ILE:CD1	0.49	2.37	13	1
1:A:70:LYS:CA	1:A:70:LYS:CE	0.49	2.90	28	1
1:A:25:ILE:HD12	1:A:40:LYS:HZ3	0.49	1.66	8	1
1:A:48:THR:OG1	1:A:49:VAL:HG12	0.49	2.06	17	1
1:A:61:ILE:CG1	1:A:67:SER:HA	0.49	2.38	8	30
1:A:66:ILE:CD1	1:A:70:LYS:HE3	0.49	2.37	1	2
1:A:39:LYS:HA	1:A:43:GLU:CG	0.49	2.38	6	1
1:A:30:GLN:NE2	1:A:47:HIS:CG	0.49	2.81	13	1
1:A:77:GLU:O	1:A:81:LEU:N	0.49	2.45	18	3
1:A:40:LYS:HA	1:A:43:GLU:OE1	0.49	2.08	22	1
1:A:63:ILE:HG22	1:A:64:LYS:H	0.49	1.67	2	9
1:A:25:ILE:C	1:A:25:ILE:HD12	0.49	2.28	27	2
1:A:66:ILE:CG2	1:A:70:LYS:HD2	0.49	2.38	28	2
1:A:57:LYS:CE	1:A:57:LYS:N	0.49	2.76	29	1
1:A:42:GLU:O	1:A:43:GLU:C	0.49	2.52	9	7
1:A:39:LYS:HA	1:A:43:GLU:HG2	0.49	1.84	6	5
1:A:52:VAL:O	1:A:53:ALA:CB	0.49	2.57	17	8
1:A:29:GLU:O	1:A:37:ASP:OD1	0.49	2.31	13	2
1:A:48:THR:O	1:A:49:VAL:CG1	0.49	2.54	10	1
1:A:34:ASN:O	1:A:37:ASP:OD2	0.49	2.31	11	1
1:A:58:LYS:O	1:A:61:ILE:CD1	0.49	2.60	15	12
1:A:60:LEU:CG	1:A:61:ILE:N	0.49	2.76	4	29
1:A:28:LEU:HB2	1:A:74:ILE:HD11	0.49	1.78	5	1
1:A:29:GLU:OE2	1:A:41:LEU:HB3	0.49	2.08	27	4
1:A:49:VAL:O	1:A:52:VAL:CG2	0.49	2.61	21	1
1:A:40:LYS:CE	1:A:74:ILE:CD1	0.48	2.91	9	2
1:A:25:ILE:CG2	1:A:51:ALA:HB2	0.48	2.31	3	1
1:A:25:ILE:HD11	1:A:48:THR:H	0.48	1.66	9	1
1:A:43:GLU:HB3	1:A:63:ILE:CG2	0.48	2.37	14	2
1:A:43:GLU:CB	1:A:63:ILE:HG12	0.48	2.37	17	7
1:A:46:PHE:CZ	1:A:60:LEU:HD13	0.48	2.40	13	1
1:A:26:SER:N	1:A:48:THR:HA	0.48	2.24	17	2
1:A:29:GLU:HB2	1:A:74:ILE:CD1	0.48	2.38	2	1
1:A:39:LYS:HE2	1:A:40:LYS:N	0.48	2.24	4	1
1:A:35:ALA:HB1	1:A:39:LYS:CE	0.48	2.39	7	1
1:A:29:GLU:CD	1:A:47:HIS:CB	0.48	2.81	14	1
1:A:58:LYS:O	1:A:61:ILE:CG1	0.48	2.61	23	2
1:A:57:LYS:O	1:A:61:ILE:HG12	0.48	2.09	14	9
1:A:61:ILE:CD1	1:A:66:ILE:O	0.48	2.56	17	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:52:VAL:O	1:A:54:TYR:N	0.48	2.45	7	1
1:A:30:GLN:CG	1:A:47:HIS:HB2	0.48	2.37	23	3
1:A:36:ASN:ND2	1:A:70:LYS:CA	0.48	2.76	12	1
1:A:57:LYS:O	1:A:61:ILE:CG2	0.48	2.62	28	3
1:A:33:ILE:CD1	1:A:77:GLU:OE1	0.48	2.57	19	1
1:A:77:GLU:N	1:A:77:GLU:CD	0.48	2.67	24	1
1:A:39:LYS:O	1:A:43:GLU:CD	0.48	2.52	30	3
1:A:28:LEU:HD12	1:A:78:ALA:HA	0.48	1.86	2	1
1:A:41:LEU:HG	1:A:42:GLU:N	0.48	2.24	27	10
1:A:37:ASP:O	1:A:41:LEU:HD23	0.48	2.08	27	4
1:A:36:ASN:OD1	1:A:70:LYS:C	0.48	2.52	3	13
1:A:61:ILE:C	1:A:63:ILE:N	0.48	2.67	20	26
1:A:43:GLU:CD	1:A:63:ILE:HG21	0.48	2.29	6	5
1:A:42:GLU:N	1:A:43:GLU:OE1	0.48	2.47	27	1
1:A:46:PHE:CE2	1:A:60:LEU:HB2	0.48	2.44	5	1
1:A:29:GLU:HB3	1:A:74:ILE:CD1	0.48	2.39	9	4
1:A:47:HIS:ND1	1:A:47:HIS:N	0.48	2.61	28	5
1:A:71:ALA:HA	1:A:74:ILE:HD12	0.48	1.85	18	1
1:A:63:ILE:HG22	1:A:64:LYS:HD2	0.48	1.86	30	1
1:A:40:LYS:HE2	1:A:74:ILE:CD1	0.48	2.38	2	3
1:A:29:GLU:HA	1:A:33:ILE:HB	0.48	1.85	27	19
1:A:34:ASN:ND2	1:A:73:LYS:HG3	0.48	2.24	20	1
1:A:29:GLU:OE2	1:A:40:LYS:HB3	0.48	2.08	27	1
1:A:50:GLU:O	1:A:51:ALA:C	0.48	2.51	17	11
1:A:40:LYS:CE	1:A:74:ILE:HD12	0.48	2.39	24	1
1:A:49:VAL:O	1:A:49:VAL:HG12	0.48	2.09	12	1
1:A:50:GLU:OE2	1:A:54:TYR:CE2	0.48	2.67	15	1
1:A:68:GLU:O	1:A:72:ASP:HB3	0.47	2.09	5	16
1:A:40:LYS:HD3	1:A:60:LEU:HD21	0.47	1.84	21	2
1:A:45:GLY:CA	1:A:47:HIS:CE1	0.47	2.96	12	1
1:A:72:ASP:HA	1:A:75:LEU:HD21	0.47	1.86	16	1
1:A:66:ILE:CG1	1:A:70:LYS:HD3	0.47	2.38	18	1
1:A:25:ILE:HD11	1:A:47:HIS:C	0.47	2.30	27	1
1:A:25:ILE:HD13	1:A:40:LYS:NZ	0.47	2.24	1	1
1:A:27:ARG:O	1:A:31:CYS:HB3	0.47	2.09	17	15
1:A:35:ALA:CB	1:A:70:LYS:HD3	0.47	2.38	3	1
1:A:25:ILE:HG13	1:A:48:THR:CA	0.47	2.39	9	6
1:A:56:PRO:O	1:A:57:LYS:C	0.47	2.51	23	25
1:A:59:GLU:O	1:A:62:ASN:HB3	0.47	2.09	11	15
1:A:61:ILE:CD1	1:A:67:SER:HA	0.47	2.39	13	26
1:A:47:HIS:C	1:A:48:THR:OG1	0.47	2.50	28	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:43:GLU:HG3	1:A:63:ILE:HD12	0.47	1.86	19	3
1:A:73:LYS:CE	1:A:77:GLU:OE2	0.47	2.63	24	1
1:A:35:ALA:CB	1:A:70:LYS:NZ	0.47	2.77	26	1
1:A:57:LYS:N	1:A:57:LYS:HD2	0.47	2.24	5	1
1:A:30:GLN:NE2	1:A:30:GLN:C	0.47	2.68	6	1
1:A:58:LYS:O	1:A:61:ILE:HG13	0.47	2.10	23	2
1:A:63:ILE:HG22	1:A:64:LYS:HG2	0.47	1.85	27	1
1:A:28:LEU:HG	1:A:78:ALA:HB2	0.47	1.86	1	1
1:A:48:THR:O	1:A:49:VAL:C	0.47	2.52	6	23
1:A:59:GLU:O	1:A:62:ASN:HB2	0.47	2.09	9	8
1:A:29:GLU:O	1:A:37:ASP:OD2	0.47	2.32	20	2
1:A:27:ARG:O	1:A:31:CYS:HB2	0.47	2.10	2	22
1:A:35:ALA:CB	1:A:70:LYS:HE2	0.47	2.39	3	1
1:A:81:LEU:C	1:A:81:LEU:CD1	0.47	2.81	24	2
1:A:70:LYS:O	1:A:74:ILE:CD1	0.47	2.62	18	1
1:A:35:ALA:O	1:A:36:ASN:C	0.47	2.52	27	18
1:A:36:ASN:OD1	1:A:70:LYS:O	0.47	2.33	26	8
1:A:39:LYS:O	1:A:43:GLU:OE2	0.47	2.33	1	1
1:A:28:LEU:HD12	1:A:77:GLU:OE2	0.47	2.10	4	1
1:A:28:LEU:HB3	1:A:74:ILE:CD1	0.47	2.39	5	1
1:A:82:VAL:O	1:A:82:VAL:HG23	0.47	2.10	23	2
1:A:60:LEU:O	1:A:60:LEU:HD12	0.47	2.09	30	2
1:A:43:GLU:O	1:A:43:GLU:OE2	0.47	2.32	16	1
1:A:47:HIS:O	1:A:48:THR:OG1	0.47	2.32	16	2
1:A:59:GLU:O	1:A:62:ASN:OD1	0.47	2.32	21	3
1:A:25:ILE:HD11	1:A:40:LYS:NZ	0.47	2.23	18	1
1:A:66:ILE:CG2	1:A:70:LYS:HD3	0.47	2.39	18	1
1:A:70:LYS:NZ	1:A:70:LYS:HB2	0.47	2.23	18	1
1:A:48:THR:HG23	1:A:50:GLU:H	0.47	1.69	19	1
1:A:30:GLN:HG3	1:A:47:HIS:CD2	0.47	2.44	28	1
1:A:56:PRO:O	1:A:58:LYS:N	0.47	2.48	28	6
1:A:29:GLU:OE2	1:A:41:LEU:CD2	0.47	2.57	21	1
1:A:43:GLU:HG3	1:A:63:ILE:CG2	0.47	2.40	25	1
1:A:57:LYS:CE	1:A:57:LYS:CA	0.47	2.93	29	1
1:A:40:LYS:N	1:A:70:LYS:HE2	0.47	2.25	30	1
1:A:26:SER:O	1:A:30:GLN:HB2	0.47	2.10	14	10
1:A:52:VAL:HG12	1:A:52:VAL:O	0.47	2.10	6	1
1:A:63:ILE:O	1:A:64:LYS:C	0.47	2.53	28	4
1:A:45:GLY:HA2	1:A:47:HIS:CE1	0.47	2.45	12	1
1:A:28:LEU:CD2	1:A:81:LEU:HD22	0.47	2.40	15	1
1:A:70:LYS:CE	1:A:70:LYS:HA	0.47	2.39	28	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:ILE:CG2	1:A:36:ASN:OD1	0.47	2.56	2	1
1:A:40:LYS:CG	1:A:70:LYS:CG	0.47	2.94	22	2
1:A:29:GLU:OE1	1:A:29:GLU:O	0.47	2.34	27	1
1:A:34:ASN:OD1	1:A:36:ASN:CG	0.47	2.54	28	1
1:A:25:ILE:HG12	1:A:48:THR:O	0.46	2.10	11	8
1:A:66:ILE:O	1:A:67:SER:HB2	0.46	2.10	1	16
1:A:75:LEU:C	1:A:75:LEU:HD23	0.46	2.30	9	1
1:A:49:VAL:O	1:A:50:GLU:C	0.46	2.53	4	20
1:A:25:ILE:O	1:A:29:GLU:HG3	0.46	2.10	2	1
1:A:72:ASP:OD1	1:A:75:LEU:HD11	0.46	2.10	16	1
1:A:71:ALA:CA	1:A:74:ILE:HD12	0.46	2.41	18	1
1:A:77:GLU:O	1:A:81:LEU:HB2	0.46	2.11	15	14
1:A:34:ASN:CB	1:A:73:LYS:HG2	0.46	2.39	5	6
1:A:27:ARG:O	1:A:31:CYS:SG	0.46	2.73	6	3
1:A:43:GLU:HG3	1:A:44:ALA:N	0.46	2.26	28	2
1:A:27:ARG:O	1:A:28:LEU:C	0.46	2.53	8	2
1:A:57:LYS:HG3	1:A:58:LYS:N	0.46	2.25	16	2
1:A:48:THR:HG23	1:A:50:GLU:CG	0.46	2.40	1	1
1:A:36:ASN:O	1:A:40:LYS:HB2	0.46	2.11	11	11
1:A:28:LEU:HD11	1:A:81:LEU:HD13	0.46	1.87	15	1
1:A:24:PRO:HG2	1:A:82:VAL:CG1	0.46	2.40	19	1
1:A:46:PHE:HE1	1:A:60:LEU:HD13	0.46	1.63	20	1
1:A:62:ASN:O	1:A:63:ILE:C	0.46	2.53	15	8
1:A:46:PHE:HA	1:A:50:GLU:CB	0.46	2.41	5	1
1:A:60:LEU:O	1:A:63:ILE:HG12	0.46	2.11	11	5
1:A:48:THR:CG2	1:A:50:GLU:CD	0.46	2.84	23	1
1:A:57:LYS:CE	1:A:68:GLU:HG3	0.46	2.41	26	1
1:A:51:ALA:C	1:A:52:VAL:HG23	0.46	2.31	27	1
1:A:34:ASN:ND2	1:A:73:LYS:HG2	0.46	2.26	28	1
1:A:29:GLU:HG2	1:A:30:GLN:N	0.46	2.26	10	1
1:A:35:ALA:CB	1:A:70:LYS:HE3	0.46	2.41	11	2
1:A:40:LYS:CG	1:A:70:LYS:HD2	0.46	2.41	12	2
1:A:39:LYS:CB	1:A:70:LYS:HE3	0.46	2.40	13	2
1:A:57:LYS:HG2	1:A:58:LYS:N	0.46	2.25	22	3
1:A:64:LYS:O	1:A:64:LYS:HE3	0.46	2.11	6	1
1:A:36:ASN:ND2	1:A:74:ILE:HG12	0.46	2.26	8	3
1:A:36:ASN:OD1	1:A:70:LYS:HB3	0.46	2.11	24	3
1:A:36:ASN:HB2	1:A:74:ILE:CD1	0.46	2.41	2	1
1:A:25:ILE:CD1	1:A:40:LYS:HE2	0.46	2.40	6	1
1:A:46:PHE:CA	1:A:50:GLU:HB3	0.46	2.41	12	2
1:A:57:LYS:CG	1:A:71:ALA:CB	0.46	2.94	26	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:ILE:O	1:A:29:GLU:OE2	0.46	2.33	10	1
1:A:25:ILE:CD1	1:A:78:ALA:HB1	0.46	2.41	16	1
1:A:56:PRO:HG2	1:A:59:GLU:CB	0.45	2.42	2	19
1:A:59:GLU:O	1:A:62:ASN:CG	0.45	2.54	23	2
1:A:71:ALA:O	1:A:74:ILE:HD12	0.45	2.11	18	1
1:A:30:GLN:HB2	1:A:47:HIS:CB	0.45	2.42	2	1
1:A:29:GLU:HB3	1:A:74:ILE:HD13	0.45	1.88	3	2
1:A:30:GLN:HG3	1:A:47:HIS:CB	0.45	2.40	8	1
1:A:30:GLN:CB	1:A:47:HIS:HB2	0.45	2.40	12	1
1:A:36:ASN:OD1	1:A:40:LYS:HD3	0.45	2.12	16	4
1:A:51:ALA:C	1:A:52:VAL:HG12	0.45	2.31	11	1
1:A:70:LYS:HG2	1:A:71:ALA:N	0.45	2.27	22	1
1:A:42:GLU:O	1:A:43:GLU:O	0.45	2.33	25	1
1:A:57:LYS:CD	1:A:57:LYS:C	0.45	2.83	26	1
1:A:25:ILE:HA	1:A:28:LEU:HB2	0.45	1.88	28	1
1:A:40:LYS:CB	1:A:70:LYS:HE2	0.45	2.41	30	1
1:A:29:GLU:HA	1:A:33:ILE:CB	0.45	2.41	2	12
1:A:57:LYS:HD3	1:A:75:LEU:HD11	0.45	1.87	6	1
1:A:29:GLU:OE1	1:A:40:LYS:HE2	0.45	2.12	15	2
1:A:25:ILE:CD1	1:A:48:THR:N	0.45	2.80	9	2
1:A:29:GLU:CG	1:A:47:HIS:CB	0.45	2.95	24	2
1:A:26:SER:OG	1:A:30:GLN:OE1	0.45	2.35	16	1
1:A:68:GLU:CG	1:A:72:ASP:HB2	0.45	2.41	20	1
1:A:37:ASP:O	1:A:41:LEU:CG	0.45	2.63	27	3
1:A:36:ASN:OD1	1:A:70:LYS:HA	0.45	2.11	13	2
1:A:77:GLU:O	1:A:81:LEU:HB3	0.45	2.10	14	3
1:A:47:HIS:O	1:A:47:HIS:CG	0.45	2.68	30	2
1:A:40:LYS:O	1:A:43:GLU:OE1	0.45	2.35	30	1
1:A:66:ILE:HD12	1:A:66:ILE:H	0.45	1.71	13	2
1:A:25:ILE:HD13	1:A:74:ILE:HD13	0.45	1.87	13	1
1:A:41:LEU:CB	1:A:47:HIS:HB3	0.45	2.42	1	1
1:A:33:ILE:HG22	1:A:37:ASP:OD1	0.45	2.12	13	1
1:A:59:GLU:HG3	1:A:60:LEU:N	0.45	2.25	20	1
1:A:37:ASP:OD1	1:A:41:LEU:HD21	0.45	2.12	22	1
1:A:34:ASN:O	1:A:36:ASN:N	0.45	2.50	8	6
1:A:41:LEU:C	1:A:41:LEU:CD1	0.45	2.85	12	3
1:A:51:ALA:O	1:A:52:VAL:CB	0.45	2.65	11	1
1:A:39:LYS:N	1:A:39:LYS:HD3	0.45	2.26	25	1
1:A:64:LYS:HB3	1:A:66:ILE:HD11	0.45	1.89	3	1
1:A:25:ILE:HB	1:A:74:ILE:CG2	0.45	2.42	9	1
1:A:33:ILE:HG21	1:A:36:ASN:HD22	0.45	1.70	13	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:LYS:CG	1:A:70:LYS:HE2	0.45	2.42	30	3
1:A:28:LEU:HG	1:A:33:ILE:CD1	0.45	2.42	18	1
1:A:34:ASN:C	1:A:36:ASN:OD1	0.45	2.55	2	1
1:A:68:GLU:O	1:A:72:ASP:HB2	0.45	2.12	27	3
1:A:69:ALA:O	1:A:73:LYS:HB2	0.45	2.11	29	5
1:A:72:ASP:O	1:A:73:LYS:C	0.45	2.55	19	14
1:A:26:SER:OG	1:A:47:HIS:O	0.45	2.34	10	1
1:A:26:SER:O	1:A:30:GLN:HG2	0.45	2.12	12	3
1:A:36:ASN:HA	1:A:70:LYS:CD	0.45	2.42	16	2
1:A:72:ASP:OD1	1:A:72:ASP:C	0.45	2.55	26	1
1:A:60:LEU:O	1:A:63:ILE:CG2	0.45	2.60	28	1
1:A:40:LYS:HG2	1:A:70:LYS:CE	0.45	2.42	30	1
1:A:68:GLU:O	1:A:69:ALA:C	0.44	2.54	27	17
1:A:71:ALA:O	1:A:72:ASP:C	0.44	2.55	14	1
1:A:29:GLU:OE2	1:A:46:PHE:C	0.44	2.56	17	1
1:A:68:GLU:HG2	1:A:72:ASP:OD2	0.44	2.12	17	1
1:A:75:LEU:C	1:A:75:LEU:CD1	0.44	2.80	26	1
1:A:74:ILE:O	1:A:76:ALA:N	0.44	2.50	1	2
1:A:26:SER:O	1:A:27:ARG:C	0.44	2.55	5	4
1:A:36:ASN:ND2	1:A:70:LYS:HB2	0.44	2.26	12	2
1:A:48:THR:O	1:A:49:VAL:HB	0.44	2.12	16	3
1:A:29:GLU:OE2	1:A:47:HIS:HB3	0.44	2.12	18	9
1:A:51:ALA:O	1:A:52:VAL:HB	0.44	2.13	11	2
1:A:25:ILE:HG13	1:A:48:THR:O	0.44	2.11	13	1
1:A:25:ILE:CD1	1:A:48:THR:O	0.44	2.65	30	1
1:A:43:GLU:CD	1:A:63:ILE:HG12	0.44	2.33	29	2
1:A:25:ILE:HG22	1:A:29:GLU:OE1	0.44	2.13	10	1
1:A:29:GLU:O	1:A:37:ASP:HB2	0.44	2.13	20	2
1:A:74:ILE:HA	1:A:77:GLU:HG2	0.44	1.87	19	1
1:A:43:GLU:OE2	1:A:60:LEU:CD1	0.44	2.64	30	1
1:A:66:ILE:CD1	1:A:70:LYS:HE2	0.44	2.43	8	2
1:A:39:LYS:O	1:A:63:ILE:HD12	0.44	2.13	14	2
1:A:39:LYS:HB2	1:A:70:LYS:HE3	0.44	1.89	18	1
1:A:47:HIS:CD2	1:A:47:HIS:C	0.44	2.91	18	1
1:A:24:PRO:HG2	1:A:82:VAL:CG2	0.44	2.42	27	3
1:A:25:ILE:HD12	1:A:25:ILE:O	0.44	2.11	27	1
1:A:33:ILE:CG2	1:A:34:ASN:H	0.44	2.21	11	8
1:A:34:ASN:O	1:A:35:ALA:C	0.44	2.56	5	5
1:A:39:LYS:HD3	1:A:40:LYS:N	0.44	2.27	4	1
1:A:78:ALA:O	1:A:82:VAL:HG22	0.44	2.12	9	1
1:A:40:LYS:HG2	1:A:70:LYS:HG3	0.44	1.87	22	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:41:LEU:HB2	1:A:47:HIS:CD2	0.44	2.48	1	1
1:A:60:LEU:O	1:A:61:ILE:C	0.44	2.54	19	7
1:A:29:GLU:OE1	1:A:29:GLU:C	0.44	2.56	26	3
1:A:74:ILE:O	1:A:75:LEU:C	0.44	2.55	19	2
1:A:29:GLU:OE2	1:A:46:PHE:O	0.44	2.35	17	1
1:A:28:LEU:HD13	1:A:78:ALA:HB2	0.44	1.88	25	1
1:A:25:ILE:HA	1:A:28:LEU:HD12	0.44	1.89	28	1
1:A:58:LYS:HA	1:A:61:ILE:CG1	0.44	2.43	19	4
1:A:52:VAL:O	1:A:53:ALA:C	0.44	2.55	30	3
1:A:43:GLU:OE1	1:A:43:GLU:O	0.44	2.34	17	2
1:A:35:ALA:O	1:A:37:ASP:N	0.44	2.51	27	1
1:A:43:GLU:OE2	1:A:45:GLY:N	0.44	2.47	27	1
1:A:38:VAL:CG1	1:A:39:LYS:HE2	0.44	2.43	5	1
1:A:43:GLU:HB3	1:A:63:ILE:CG1	0.44	2.43	12	1
1:A:64:LYS:O	1:A:64:LYS:HE2	0.44	2.13	14	1
1:A:78:ALA:C	1:A:82:VAL:HG12	0.43	2.34	1	1
1:A:25:ILE:C	1:A:29:GLU:OE2	0.43	2.57	3	1
1:A:53:ALA:O	1:A:54:TYR:C	0.43	2.56	21	2
1:A:64:LYS:H	1:A:66:ILE:HD11	0.43	1.72	20	1
1:A:80:LYS:N	1:A:80:LYS:HD3	0.43	2.27	26	1
1:A:25:ILE:HD11	1:A:48:THR:O	0.43	2.13	30	1
1:A:81:LEU:HD23	1:A:81:LEU:O	0.43	2.13	2	1
1:A:41:LEU:O	1:A:45:GLY:CA	0.43	2.66	11	2
1:A:34:ASN:OD1	1:A:73:LYS:CE	0.43	2.66	10	1
1:A:81:LEU:N	1:A:81:LEU:CD1	0.43	2.81	20	1
1:A:39:LYS:O	1:A:43:GLU:CB	0.43	2.66	22	1
1:A:36:ASN:CB	1:A:40:LYS:HG3	0.43	2.44	7	2
1:A:61:ILE:HD13	1:A:67:SER:H	0.43	1.70	20	1
1:A:48:THR:CG2	1:A:50:GLU:HG3	0.43	2.42	1	1
1:A:61:ILE:HG12	1:A:67:SER:HA	0.43	1.89	4	7
1:A:30:GLN:HG3	1:A:31:CYS:N	0.43	2.28	9	1
1:A:40:LYS:HD3	1:A:74:ILE:CD1	0.43	2.43	19	2
1:A:34:ASN:OD1	1:A:73:LYS:CD	0.43	2.67	11	1
1:A:33:ILE:HD11	1:A:77:GLU:CB	0.43	2.44	23	1
1:A:68:GLU:CA	1:A:72:ASP:HB2	0.43	2.43	1	5
1:A:61:ILE:O	1:A:62:ASN:C	0.43	2.56	11	4
1:A:24:PRO:HA	1:A:49:VAL:N	0.43	2.29	26	2
1:A:43:GLU:O	1:A:43:GLU:CD	0.43	2.57	15	2
1:A:45:GLY:O	1:A:50:GLU:OE1	0.43	2.36	17	1
1:A:43:GLU:HG2	1:A:63:ILE:CB	0.43	2.44	22	1
1:A:70:LYS:HZ2	1:A:71:ALA:HB2	0.43	1.74	22	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:50:GLU:HG2	1:A:54:TYR:CG	0.43	2.48	23	1
1:A:34:ASN:OD1	1:A:73:LYS:CG	0.43	2.66	26	1
1:A:36:ASN:CB	1:A:40:LYS:HB2	0.43	2.43	27	1
1:A:63:ILE:HG13	1:A:64:LYS:N	0.43	2.29	28	1
1:A:45:GLY:O	1:A:47:HIS:CE1	0.43	2.71	1	1
1:A:34:ASN:HB2	1:A:73:LYS:HG2	0.43	1.91	5	1
1:A:29:GLU:OE1	1:A:41:LEU:CB	0.43	2.67	9	1
1:A:39:LYS:HB2	1:A:39:LYS:NZ	0.43	2.27	12	1
1:A:48:THR:OG1	1:A:49:VAL:HG22	0.43	2.13	13	2
1:A:57:LYS:CG	1:A:58:LYS:N	0.43	2.82	16	2
1:A:66:ILE:HG12	1:A:70:LYS:CD	0.43	2.44	18	1
1:A:28:LEU:CD1	1:A:78:ALA:CB	0.43	2.96	25	1
1:A:66:ILE:HG12	1:A:70:LYS:CE	0.43	2.44	26	1
1:A:43:GLU:OE1	1:A:46:PHE:CE1	0.43	2.72	1	1
1:A:36:ASN:CG	1:A:74:ILE:HD11	0.43	2.34	2	1
1:A:26:SER:O	1:A:30:GLN:N	0.43	2.47	5	3
1:A:43:GLU:CG	1:A:63:ILE:HD12	0.43	2.44	14	1
1:A:56:PRO:HG2	1:A:59:GLU:HB2	0.43	1.90	14	2
1:A:43:GLU:CG	1:A:63:ILE:CD1	0.43	2.91	27	2
1:A:72:ASP:HA	1:A:75:LEU:CD2	0.43	2.43	16	2
1:A:72:ASP:O	1:A:75:LEU:N	0.43	2.52	17	1
1:A:34:ASN:CG	1:A:73:LYS:CG	0.43	2.87	20	1
1:A:61:ILE:HB	1:A:67:SER:H	0.43	1.74	20	1
1:A:28:LEU:HD21	1:A:81:LEU:HD12	0.43	1.91	21	1
1:A:51:ALA:O	1:A:57:LYS:CG	0.43	2.67	3	1
1:A:36:ASN:ND2	1:A:74:ILE:HB	0.43	2.29	6	2
1:A:43:GLU:HB3	1:A:63:ILE:CB	0.43	2.44	10	1
1:A:29:GLU:CD	1:A:47:HIS:HB3	0.43	2.34	14	1
1:A:25:ILE:CD1	1:A:29:GLU:CG	0.43	2.96	27	1
1:A:47:HIS:C	1:A:48:THR:CG2	0.43	2.84	3	2
1:A:41:LEU:HD22	1:A:47:HIS:HB3	0.43	1.91	5	1
1:A:36:ASN:ND2	1:A:70:LYS:C	0.43	2.73	12	1
1:A:70:LYS:O	1:A:73:LYS:HB3	0.43	2.13	13	1
1:A:29:GLU:OE1	1:A:40:LYS:HE3	0.43	2.14	15	2
1:A:29:GLU:O	1:A:37:ASP:CB	0.43	2.66	17	1
1:A:36:ASN:OD1	1:A:40:LYS:HG3	0.43	2.14	27	1
1:A:29:GLU:CD	1:A:40:LYS:HE2	0.42	2.34	16	1
1:A:35:ALA:CB	1:A:70:LYS:CE	0.42	2.85	14	2
1:A:37:ASP:C	1:A:37:ASP:OD1	0.42	2.56	14	3
1:A:27:ARG:HA	1:A:31:CYS:SG	0.42	2.53	15	1
1:A:50:GLU:OE2	1:A:54:TYR:CD2	0.42	2.72	19	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:74:ILE:O	1:A:78:ALA:HB3	0.42	2.13	22	1
1:A:74:ILE:O	1:A:78:ALA:N	0.42	2.50	22	1
1:A:25:ILE:CD1	1:A:29:GLU:OE1	0.42	2.57	28	1
1:A:69:ALA:O	1:A:73:LYS:CB	0.42	2.67	29	1
1:A:58:LYS:HA	1:A:61:ILE:HG12	0.42	1.90	1	8
1:A:67:SER:C	1:A:69:ALA:N	0.42	2.71	8	3
1:A:58:LYS:HG3	1:A:59:GLU:N	0.42	2.29	10	1
1:A:40:LYS:HD2	1:A:60:LEU:CD2	0.42	2.35	15	2
1:A:81:LEU:HD13	1:A:81:LEU:O	0.42	2.13	24	1
1:A:75:LEU:O	1:A:79:ALA:HB2	0.42	2.14	30	1
1:A:46:PHE:CE2	1:A:60:LEU:HD22	0.42	2.50	4	1
1:A:66:ILE:CD1	1:A:70:LYS:HD3	0.42	2.37	5	1
1:A:26:SER:CB	1:A:48:THR:HA	0.42	2.43	10	1
1:A:46:PHE:HA	1:A:50:GLU:HB3	0.42	1.89	12	2
1:A:43:GLU:HB3	1:A:63:ILE:HG12	0.42	1.90	24	2
1:A:36:ASN:HA	1:A:70:LYS:HD3	0.42	1.92	16	1
1:A:57:LYS:CB	1:A:71:ALA:HB1	0.42	2.45	18	1
1:A:33:ILE:CG2	1:A:74:ILE:HD11	0.42	2.42	25	2
1:A:52:VAL:O	1:A:53:ALA:O	0.42	2.37	29	1
1:A:40:LYS:HG2	1:A:70:LYS:CD	0.42	2.44	12	1
1:A:78:ALA:CA	1:A:82:VAL:HG13	0.42	2.42	18	1
1:A:33:ILE:CG2	1:A:74:ILE:CD1	0.42	2.83	21	1
1:A:50:GLU:HG3	1:A:54:TYR:CB	0.42	2.44	27	1
1:A:57:LYS:CD	1:A:75:LEU:HD11	0.42	2.45	6	1
1:A:40:LYS:HG2	1:A:70:LYS:HE2	0.42	1.92	13	1
1:A:71:ALA:HA	1:A:74:ILE:CD1	0.42	2.44	18	1
1:A:60:LEU:O	1:A:63:ILE:HG13	0.42	2.14	23	1
1:A:39:LYS:O	1:A:43:GLU:HB3	0.42	2.15	27	1
1:A:26:SER:HB3	1:A:48:THR:HG23	0.42	1.91	30	1
1:A:36:ASN:CG	1:A:74:ILE:CD1	0.42	2.88	2	2
1:A:26:SER:HB3	1:A:47:HIS:O	0.42	2.14	5	1
1:A:36:ASN:ND2	1:A:74:ILE:CG1	0.42	2.83	11	2
1:A:53:ALA:O	1:A:54:TYR:HB2	0.42	2.15	15	4
1:A:33:ILE:HG12	1:A:74:ILE:HD12	0.42	1.91	16	1
1:A:34:ASN:CG	1:A:73:LYS:HG2	0.42	2.34	20	1
1:A:77:GLU:O	1:A:81:LEU:CG	0.42	2.67	21	1
1:A:39:LYS:O	1:A:43:GLU:HB2	0.42	2.15	22	1
1:A:46:PHE:CE1	1:A:60:LEU:CD1	0.42	2.97	20	2
1:A:73:LYS:HE3	1:A:77:GLU:OE2	0.42	2.15	24	1
1:A:24:PRO:HG2	1:A:82:VAL:O	0.42	2.14	25	1
1:A:28:LEU:CD1	1:A:78:ALA:CA	0.42	2.98	25	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:29:GLU:HG3	1:A:41:LEU:CD2	0.42	2.45	5	1
1:A:72:ASP:O	1:A:74:ILE:N	0.42	2.53	7	1
1:A:40:LYS:CG	1:A:70:LYS:HG2	0.42	2.45	10	1
1:A:70:LYS:CE	1:A:70:LYS:CA	0.42	2.97	14	1
1:A:50:GLU:N	1:A:50:GLU:OE1	0.42	2.53	26	1
1:A:29:GLU:OE1	1:A:41:LEU:HB3	0.42	2.15	9	4
1:A:41:LEU:C	1:A:43:GLU:OE1	0.42	2.58	27	1
1:A:28:LEU:CD1	1:A:77:GLU:OE1	0.41	2.68	4	1
1:A:36:ASN:CB	1:A:40:LYS:HD3	0.41	2.45	29	1
1:A:35:ALA:HB3	1:A:70:LYS:HD3	0.41	1.91	3	1
1:A:39:LYS:N	1:A:39:LYS:HD2	0.41	2.30	3	1
1:A:52:VAL:O	1:A:52:VAL:HG22	0.41	2.14	16	1
1:A:43:GLU:OE1	1:A:43:GLU:CA	0.41	2.68	17	1
1:A:55:ALA:O	1:A:57:LYS:CE	0.41	2.68	29	1
1:A:25:ILE:O	1:A:28:LEU:HB2	0.41	2.15	1	2
1:A:25:ILE:HG13	1:A:51:ALA:CB	0.41	2.45	3	1
1:A:39:LYS:HG2	1:A:64:LYS:CG	0.41	2.46	17	1
1:A:25:ILE:CG2	1:A:74:ILE:CG2	0.41	2.98	25	1
1:A:25:ILE:CD1	1:A:40:LYS:NZ	0.41	2.83	26	1
1:A:29:GLU:OE1	1:A:74:ILE:HG13	0.41	2.16	5	1
1:A:40:LYS:HG2	1:A:70:LYS:HG2	0.41	1.91	10	1
1:A:43:GLU:CG	1:A:63:ILE:HB	0.41	2.45	14	1
1:A:43:GLU:CD	1:A:60:LEU:CD1	0.41	2.89	22	1
1:A:26:SER:HA	1:A:47:HIS:O	0.41	2.15	24	2
1:A:50:GLU:OE1	1:A:54:TYR:CD1	0.41	2.73	29	1
1:A:29:GLU:OE2	1:A:30:GLN:CA	0.41	2.69	9	2
1:A:47:HIS:HD2	1:A:48:THR:HG22	0.41	1.74	2	1
1:A:67:SER:O	1:A:68:GLU:C	0.41	2.58	8	1
1:A:71:ALA:O	1:A:74:ILE:HG12	0.41	2.15	13	1
1:A:66:ILE:CB	1:A:70:LYS:HD3	0.41	2.46	18	1
1:A:59:GLU:O	1:A:60:LEU:C	0.41	2.57	28	2
1:A:43:GLU:CD	1:A:43:GLU:C	0.41	2.79	24	1
1:A:32:GLY:HA2	1:A:37:ASP:OD1	0.41	2.15	30	1
1:A:40:LYS:CA	1:A:70:LYS:HE2	0.41	2.45	30	1
1:A:35:ALA:CB	1:A:70:LYS:HD2	0.41	2.44	2	1
1:A:73:LYS:O	1:A:73:LYS:HD3	0.41	2.16	9	1
1:A:58:LYS:C	1:A:61:ILE:HG13	0.41	2.36	20	1
1:A:82:VAL:O	1:A:82:VAL:HG22	0.41	2.15	24	2
1:A:28:LEU:HD13	1:A:82:VAL:CG2	0.41	2.45	30	1
1:A:48:THR:C	1:A:50:GLU:N	0.41	2.74	9	6
1:A:26:SER:OG	1:A:48:THR:HB	0.41	2.15	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:ASN:ND2	1:A:70:LYS:HA	0.41	2.31	24	1
1:A:26:SER:CA	1:A:48:THR:HA	0.41	2.46	25	1
1:A:43:GLU:OE1	1:A:63:ILE:HD13	0.41	2.15	1	1
1:A:70:LYS:O	1:A:71:ALA:C	0.41	2.59	12	2
1:A:46:PHE:CD2	1:A:50:GLU:OE1	0.41	2.74	18	1
1:A:74:ILE:HA	1:A:77:GLU:CG	0.41	2.46	19	1
1:A:70:LYS:O	1:A:74:ILE:HG12	0.41	2.16	22	1
1:A:29:GLU:HB3	1:A:74:ILE:HD12	0.41	1.92	23	1
1:A:75:LEU:HD12	1:A:76:ALA:N	0.41	2.31	26	1
1:A:34:ASN:HB3	1:A:36:ASN:OD1	0.41	2.16	9	1
1:A:61:ILE:HG22	1:A:70:LYS:CD	0.41	2.46	10	2
1:A:28:LEU:CD2	1:A:28:LEU:N	0.41	2.84	15	1
1:A:28:LEU:CD2	1:A:78:ALA:HA	0.41	2.46	17	1
1:A:50:GLU:C	1:A:52:VAL:N	0.41	2.73	17	1
1:A:66:ILE:CG1	1:A:70:LYS:CD	0.41	2.98	18	1
1:A:46:PHE:CE1	1:A:60:LEU:CD2	0.41	2.99	20	1
1:A:29:GLU:OE2	1:A:47:HIS:HA	0.41	2.16	24	1
1:A:42:GLU:C	1:A:44:ALA:N	0.41	2.74	27	1
1:A:46:PHE:CZ	1:A:60:LEU:HB2	0.40	2.50	25	3
1:A:36:ASN:O	1:A:38:VAL:N	0.40	2.54	4	1
1:A:71:ALA:O	1:A:74:ILE:N	0.40	2.46	14	1
1:A:61:ILE:HD12	1:A:62:ASN:CA	0.40	2.45	17	1
1:A:43:GLU:OE2	1:A:63:ILE:HB	0.40	2.16	18	1
1:A:60:LEU:O	1:A:62:ASN:N	0.40	2.54	19	1
1:A:39:LYS:HB3	1:A:66:ILE:HD11	0.40	1.93	28	1
1:A:35:ALA:CB	1:A:70:LYS:CD	0.40	2.99	1	1
1:A:29:GLU:OE1	1:A:40:LYS:NZ	0.40	2.41	3	1
1:A:78:ALA:O	1:A:82:VAL:HB	0.40	2.16	7	1
1:A:25:ILE:HD13	1:A:29:GLU:CG	0.40	2.46	27	1
1:A:37:ASP:O	1:A:38:VAL:C	0.40	2.60	10	1
1:A:63:ILE:C	1:A:65:GLY:N	0.40	2.74	14	2
1:A:28:LEU:O	1:A:33:ILE:HB	0.40	2.15	3	1
1:A:34:ASN:C	1:A:36:ASN:N	0.40	2.75	6	1
1:A:36:ASN:CG	1:A:40:LYS:HD3	0.40	2.37	6	1
1:A:36:ASN:OD1	1:A:70:LYS:HG3	0.40	2.16	8	1
1:A:60:LEU:C	1:A:62:ASN:N	0.40	2.74	9	1
1:A:49:VAL:C	1:A:51:ALA:N	0.40	2.75	13	1
1:A:25:ILE:CD1	1:A:47:HIS:HA	0.40	2.45	23	1
1:A:62:ASN:OD1	1:A:62:ASN:C	0.40	2.59	23	1
1:A:45:GLY:HA2	1:A:47:HIS:CD2	0.40	2.51	27	1
1:A:36:ASN:OD1	1:A:70:LYS:HB2	0.40	2.16	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:28:LEU:HD23	1:A:33:ILE:HD13	0.40	1.94	8	1
1:A:66:ILE:HD12	1:A:70:LYS:HE2	0.40	1.91	8	1
1:A:43:GLU:HB2	1:A:63:ILE:CD1	0.40	2.38	11	1
1:A:24:PRO:CG	1:A:82:VAL:O	0.40	2.69	25	1
1:A:48:THR:O	1:A:49:VAL:CB	0.40	2.68	28	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	59/114 (52%)	29±3 (50±4%)	17±3 (29±5%)	12±2 (21±3%)	0 2
All	All	1770/3420 (52%)	879 (50%)	518 (29%)	373 (21%)	0 2

All 32 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	33	ILE	30
1	A	67	SER	30
1	A	69	ALA	30
1	A	63	ILE	29
1	A	66	ILE	29
1	A	49	VAL	27
1	A	47	HIS	24
1	A	48	THR	21
1	A	50	GLU	17
1	A	37	ASP	17
1	A	54	TYR	16
1	A	44	ALA	13
1	A	26	SER	10
1	A	34	ASN	9
1	A	52	VAL	9
1	A	28	LEU	8
1	A	53	ALA	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	38	VAL	7
1	A	25	ILE	6
1	A	43	GLU	5
1	A	51	ALA	5
1	A	36	ASN	4
1	A	57	LYS	4
1	A	45	GLY	3
1	A	71	ALA	3
1	A	46	PHE	2
1	A	65	GLY	2
1	A	55	ALA	1
1	A	27	ARG	1
1	A	81	LEU	1
1	A	62	ASN	1
1	A	64	LYS	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	46/94 (49%)	29±3 (64±6%)	17±3 (36±6%)	1 8
All	All	1380/2820 (49%)	878 (64%)	502 (36%)	1 8

All 41 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	60	LEU	30
1	A	66	ILE	29
1	A	41	LEU	27
1	A	64	LYS	26
1	A	40	LYS	25
1	A	48	THR	21
1	A	73	LYS	20
1	A	80	LYS	20
1	A	39	LYS	20
1	A	29	GLU	19

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	57	LYS	18
1	A	58	LYS	16
1	A	26	SER	16
1	A	30	GLN	15
1	A	47	HIS	15
1	A	50	GLU	15
1	A	74	ILE	14
1	A	75	LEU	14
1	A	33	ILE	13
1	A	54	TYR	13
1	A	43	GLU	12
1	A	81	LEU	11
1	A	28	LEU	11
1	A	70	LYS	10
1	A	27	ARG	9
1	A	34	ASN	9
1	A	68	GLU	8
1	A	62	ASN	7
1	A	36	ASN	5
1	A	77	GLU	5
1	A	59	GLU	4
1	A	72	ASP	4
1	A	67	SER	4
1	A	42	GLU	4
1	A	63	ILE	3
1	A	25	ILE	3
1	A	82	VAL	2
1	A	37	ASP	2
1	A	49	VAL	1
1	A	46	PHE	1
1	A	52	VAL	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