



Full wwPDB X-ray Structure Validation Report ⓘ

May 16, 2020 – 09:39 am BST

PDB ID : 1GGO
Title : T453A MUTANT OF PYRUVATE, PHOSPHATE DIKINASE
Authors : Li, Z.; Herzberg, O.
Deposited on : 2000-08-29
Resolution : 2.60 Å(reported)

This is a Full wwPDB X-ray 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/XrayValidationReportHelp>

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
Mogul : 1.8.5 (274361), CSD as541be (2020)
Xtriage (Phenix) : **NOT EXECUTED**
EDS : **NOT EXECUTED**
Percentile statistics : 20191225.v01 (using entries in the PDB archive December 25th 2019)
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.11

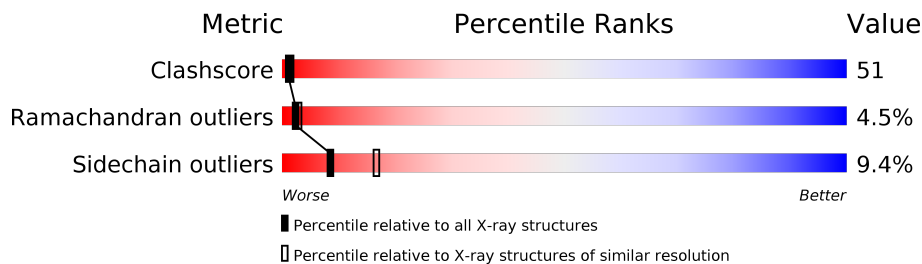
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

X-RAY DIFFRACTION

The reported resolution of this entry is 2.60 Å.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	Similar resolution (#Entries, resolution range(Å))
Clashscore	141614	3518 (2.60-2.60)
Ramachandran outliers	138981	3455 (2.60-2.60)
Sidechain outliers	138945	3455 (2.60-2.60)

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

Note EDS was not executed.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	873	

2 Entry composition [i](#)

There are 3 unique types of molecules in this entry. The entry contains 6964 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

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

- Molecule 1 is a protein called PROTEIN (PYRUVATE, PHOSPHATE DIKINASE).

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
			Total	C	N	O	S			
1	A	869	6727	4234	1140	1302	51	0	0	0

There are 2 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	94	GLY	ALA	conflict	UNP P22983
A	453	ALA	THR	engineered mutation	UNP P22983

- Molecule 2 is SULFATE ION (three-letter code: SO4) (formula: O₄S).



Mol	Chain	Residues	Atoms			ZeroOcc	AltConf
			Total	O	S		
2	A	1	5	4	1	0	0
2	A	1	5	4	1	0	0

- Molecule 3 is water.

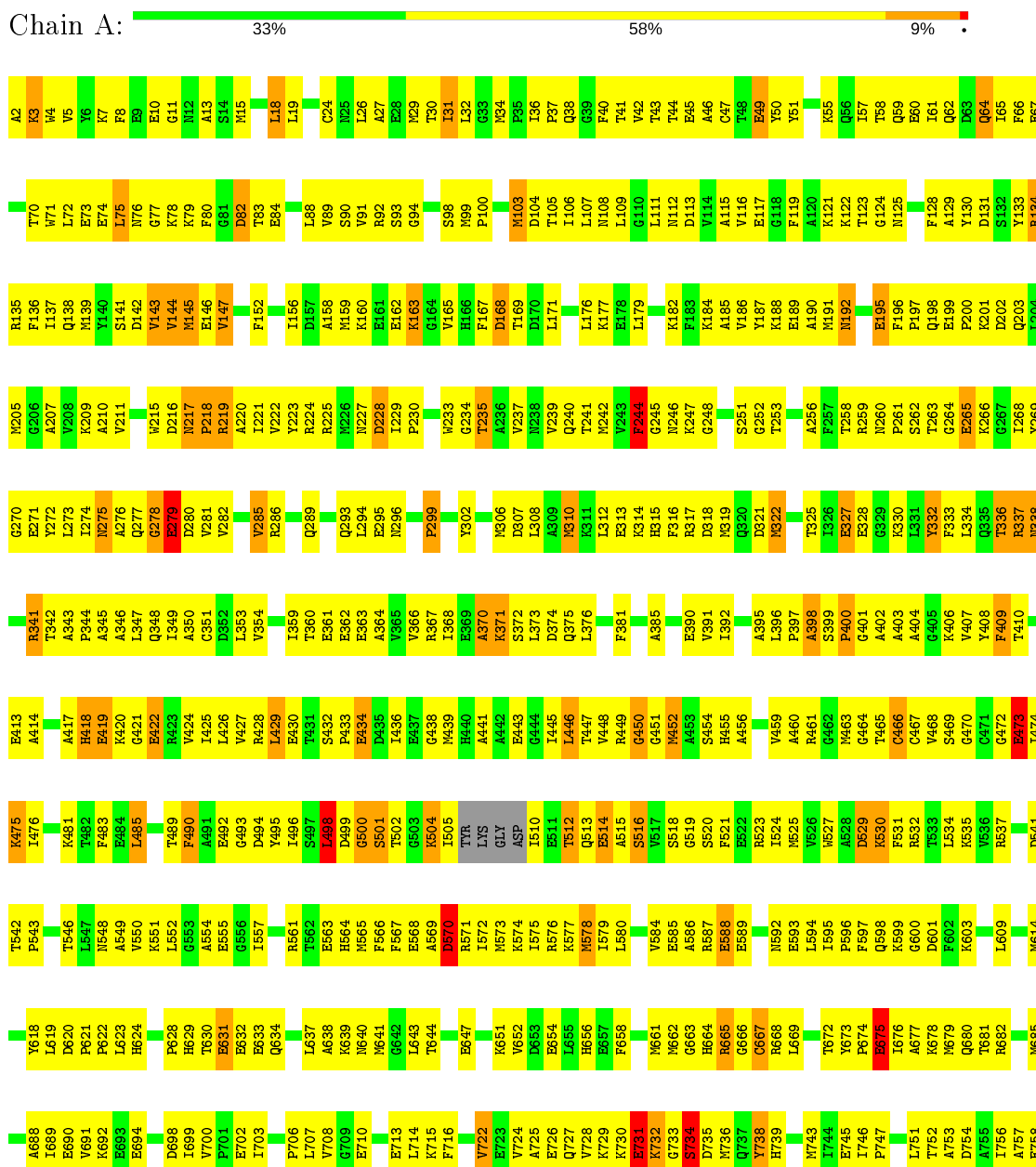
Mol	Chain	Residues	Atoms		ZeroOcc	AltConf
3	A	227	Total 227	O 227	0	0

3 Residue-property plots

These plots are drawn for all protein, RNA and DNA chains in the entry. The first graphic for a chain summarises the proportions of the various outlier classes displayed in the second graphic. The second graphic shows the sequence view annotated by issues in geometry. Residues are color-coded according to the number of geometric quality criteria for which they contain at least one outlier: green = 0, yellow = 1, orange = 2 and red = 3 or more. Stretches of 2 or more consecutive residues without any outlier are shown as a green connector. Residues present in the sample, but not in the model, are shown in grey.

Note EDS was not executed.

- Molecule 1: PROTEIN (PYRUVATE, PHOSPHATE DIKINASE)



E759
A760
E761
F762
F763
S764
F765
G766
T767
N768
D769
L770
T771
Q772
M773
F777
S778
R779
D780
D781
A782
G783
K784
F785
L786
D787
S788
Y789
Y790
K791
A792
K793
I794
Y795
E796
P799
R802
L803
D804
V808
V812
E813
M814
A815
V816
K817
K818
Q821
T822
R823
F824
G825
L826

G829
L830
E833
H834
G835
G836
D837
P838
S839
S840
V841
E842
F843
C844
H845
K846
V847
G848
L849
V852
P856
V859
P860
R863
L864
A867
A870
L871
N872
M873
K874

4 Data and refinement statistics

Xtrriage (Phenix) and EDS were not executed - this section is therefore incomplete.

Property	Value	Source
Space group	P 1 2 1	Depositor
Cell constants a, b, c, α , β , γ	89.73Å 58.66Å 102.78Å 90.00° 95.58° 90.00°	Depositor
Resolution (Å)	50.00 – 2.60	Depositor
% Data completeness (in resolution range)	67.0 (50.00-2.60)	Depositor
R_{merge}	0.08	Depositor
R_{sym}	0.08	Depositor
Refinement program	CNS 0.4	Depositor
R, R_{free}	0.177 , 0.294	Depositor
Estimated twinning fraction	No twinning to report.	Xtrriage
Total number of atoms	6964	wwPDB-VP
Average B, all atoms (Å ²)	24.0	wwPDB-VP

5 Model quality

5.1 Standard geometry

Bond lengths and bond angles in the following residue types are not validated in this section: SO4

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	# Z >5	RMSZ	# Z >5
1	A	0.57	0/6849	0.80	4/9229 (0.0%)

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

Mol	Chain	#Chirality outliers	#Planarity outliers
1	A	0	1

There are no bond length outliers.

All (4) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed($^{\circ}$)	Ideal($^{\circ}$)
1	A	731	GLU	N-CA-C	-6.72	92.86	111.00
1	A	244	PHE	N-CA-C	6.29	127.97	111.00
1	A	498	LEU	CA-CB-CG	5.53	128.03	115.30
1	A	500	GLY	N-CA-C	-5.37	99.68	113.10

There are no chirality outliers.

All (1) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	332	TYR	Sidechain

5.2 Too-close contacts

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in the chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogen

atoms added and optimized by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes within the asymmetric unit, whereas Symm-Clashes lists symmetry related clashes.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	A	6727	0	6649	688	0
2	A	10	0	0	0	0
3	A	227	0	0	20	0
All	All	6964	0	6649	688	0

The all-atom clashscore is defined as the number of clashes found per 1000 atoms (including hydrogen atoms). The all-atom clashscore for this structure is 51.

All (688) close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:732:LYS:HG2	1:A:734:SER:H	1.13	1.13
1:A:285:VAL:HG22	1:A:286:ARG:H	1.10	1.12
1:A:253:THR:HG21	1:A:278:GLY:H	1.06	1.08
1:A:219:ARG:H	1:A:219:ARG:HD2	1.19	1.02
1:A:572:ILE:HG13	1:A:576:ARG:HE	1.23	1.01
1:A:268:ILE:HG13	1:A:306:MET:SD	2.02	1.00
1:A:43:THR:HG22	1:A:45:GLU:H	1.28	0.97
1:A:520:SER:O	1:A:524:ILE:HG22	1.65	0.96
1:A:30:THR:OG1	1:A:36:ILE:HD11	1.68	0.94
1:A:732:LYS:HG2	1:A:734:SER:N	1.85	0.92
1:A:107:LEU:HD11	1:A:279:GLU:HB2	1.51	0.91
1:A:218:PRO:HG2	1:A:219:ARG:NH1	1.86	0.89
1:A:546:THR:O	1:A:550:VAL:HG23	1.74	0.88
1:A:360:THR:OG1	1:A:363:GLU:HG3	1.73	0.87
1:A:276:ALA:HB1	1:A:281:VAL:HG21	1.56	0.87
1:A:576:ARG:HH11	1:A:628:PRO:HD3	1.40	0.87
1:A:278:GLY:HA2	1:A:282:VAL:HG23	1.56	0.86
1:A:218:PRO:O	1:A:222:VAL:HG23	1.74	0.86
1:A:217:ASN:HD21	1:A:219:ARG:HH11	1.25	0.85
1:A:285:VAL:HG22	1:A:286:ARG:N	1.91	0.85
1:A:253:THR:HG21	1:A:278:GLY:N	1.91	0.84
1:A:730:LYS:C	1:A:732:LYS:H	1.72	0.84
1:A:253:THR:CG2	1:A:278:GLY:H	1.90	0.84
1:A:37:PRO:HB2	1:A:240:GLN:HE21	1.42	0.84
1:A:278:GLY:O	1:A:280:ASP:N	2.11	0.83
1:A:260:ASN:HB3	1:A:265:GLU:HB2	1.60	0.83
1:A:513:GLN:HG3	1:A:514:GLU:H	1.43	0.83
1:A:400:PRO:HA	1:A:499:ASP:HB3	1.61	0.83

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:343:ALA:HB3	1:A:344:PRO:HD3	1.59	0.82
1:A:42:VAL:HB	1:A:237:VAL:HG12	1.59	0.82
1:A:499:ASP:C	1:A:501:SER:H	1.80	0.82
1:A:77:GLY:O	1:A:78:LYS:HD3	1.79	0.82
1:A:390:GLU:HB3	1:A:505:ILE:CG2	2.11	0.81
1:A:874:LYS:HE2	1:A:874:LYS:HA	1.60	0.81
1:A:217:ASN:ND2	1:A:219:ARG:HH11	1.80	0.79
1:A:295:GLU:O	1:A:299:PRO:HB3	1.83	0.79
1:A:347:LEU:HD22	1:A:524:ILE:HG21	1.66	0.78
1:A:618:TYR:OH	1:A:703:ILE:HD12	1.84	0.77
1:A:390:GLU:HB3	1:A:505:ILE:HG22	1.66	0.77
1:A:122:LYS:HD3	1:A:122:LYS:C	2.06	0.77
1:A:123:THR:HG23	1:A:125:ASN:H	1.50	0.77
1:A:134:ARG:HD3	1:A:135:ARG:N	2.00	0.76
1:A:439:MET:HB3	1:A:445:ILE:HD11	1.66	0.76
1:A:651:LYS:O	1:A:654:GLU:HB3	1.84	0.76
1:A:404:ALA:HB1	1:A:496:ILE:HG13	1.66	0.76
1:A:715:LYS:HB2	1:A:759:GLU:HG3	1.68	0.75
1:A:532:ARG:HH12	1:A:535:LYS:HA	1.49	0.75
1:A:108:ASN:HB2	1:A:136:PHE:HB2	1.68	0.75
1:A:618:TYR:CE1	1:A:703:ILE:HG23	2.22	0.75
1:A:396:LEU:HD12	1:A:397:PRO:HD2	1.69	0.75
1:A:134:ARG:HG3	1:A:179:LEU:HD23	1.70	0.74
1:A:218:PRO:HG2	1:A:219:ARG:CZ	2.17	0.74
1:A:392:ILE:HD13	1:A:485:LEU:HB3	1.70	0.73
1:A:856:PRO:O	1:A:859:VAL:HG23	1.88	0.73
1:A:274:ILE:HB	3:A:1150:HOH:O	1.89	0.73
1:A:532:ARG:HH22	1:A:555:GLU:CD	1.92	0.73
1:A:130:TYR:CE2	1:A:177:LYS:HE3	2.23	0.73
1:A:777:PHE:HD1	1:A:777:PHE:O	1.72	0.73
1:A:167:PHE:HB2	1:A:169:THR:HG22	1.69	0.72
1:A:13:ALA:HA	1:A:24:CYS:HB2	1.71	0.72
1:A:381:PHE:HZ	1:A:496:ILE:HG23	1.53	0.72
1:A:264:GLY:HA3	1:A:348:GLN:HG2	1.71	0.72
1:A:88:LEU:HD22	1:A:111:LEU:HG	1.71	0.72
1:A:595:ILE:HG12	1:A:679:MET:HG2	1.71	0.72
1:A:498:LEU:HD22	1:A:500:GLY:H	1.55	0.72
1:A:529:ASP:CG	1:A:863:ARG:HH21	1.93	0.71
1:A:141:SER:HB3	1:A:147:VAL:HG23	1.70	0.71
1:A:44:THR:O	1:A:47:CYS:HB3	1.89	0.71
1:A:220:ALA:HB1	1:A:224:ARG:HH21	1.55	0.71

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:473:GLU:CD	1:A:473:GLU:H	1.94	0.71
1:A:307:ASP:HB3	3:A:1212:HOH:O	1.90	0.71
1:A:381:PHE:CZ	1:A:496:ILE:HG23	2.24	0.71
1:A:429:LEU:HD12	1:A:429:LEU:H	1.56	0.71
1:A:418:HIS:HB2	1:A:422:GLU:HB2	1.71	0.70
1:A:271:GLU:HG3	1:A:452:MET:SD	2.31	0.70
1:A:732:LYS:C	1:A:734:SER:H	1.91	0.70
1:A:395:ALA:O	1:A:501:SER:HB3	1.91	0.70
1:A:428:ARG:O	1:A:448:VAL:HG23	1.92	0.70
1:A:519:GLY:O	1:A:523:ARG:HG3	1.92	0.70
1:A:248:GLY:O	1:A:275:ASN:HB2	1.92	0.70
1:A:280:ASP:HB2	3:A:1164:HOH:O	1.92	0.70
1:A:557:ILE:HG13	1:A:609:LEU:HD21	1.73	0.70
1:A:715:LYS:HG3	1:A:759:GLU:OE1	1.92	0.69
1:A:427:VAL:HG13	1:A:446:LEU:CD1	2.23	0.69
1:A:483:PHE:HE2	1:A:485:LEU:HD12	1.58	0.69
1:A:690:GLU:O	1:A:694:GLU:HG2	1.92	0.69
1:A:710:GLU:O	1:A:713:GLU:HB3	1.93	0.69
1:A:580:LEU:HD12	1:A:641:MET:SD	2.34	0.68
1:A:277:GLN:H	1:A:281:VAL:HG21	1.58	0.68
1:A:425:ILE:CD1	1:A:443:GLU:HB2	2.23	0.68
1:A:143:VAL:C	1:A:145:MET:H	1.97	0.68
1:A:472:GLY:O	1:A:474:ILE:N	2.26	0.68
1:A:732:LYS:C	1:A:734:SER:N	2.46	0.68
1:A:500:GLY:O	1:A:502:THR:HG23	1.93	0.68
1:A:449:ARG:HG3	1:A:450:GLY:N	2.08	0.68
1:A:160:LYS:HG2	1:A:171:LEU:HD21	1.76	0.68
1:A:459:VAL:O	1:A:463:MET:HG2	1.94	0.68
1:A:622:PRO:HG3	1:A:665:ARG:HB3	1.75	0.67
1:A:584:VAL:O	1:A:588:GLU:HB2	1.95	0.67
1:A:427:VAL:HG13	1:A:446:LEU:HD13	1.76	0.67
1:A:260:ASN:HB2	3:A:1088:HOH:O	1.95	0.67
1:A:757:ALA:HB3	1:A:822:THR:OG1	1.93	0.67
1:A:260:ASN:CB	1:A:265:GLU:HB2	2.25	0.66
1:A:572:ILE:CG1	1:A:576:ARG:HE	2.04	0.66
1:A:113:ASP:OD1	1:A:184:LYS:HE2	1.95	0.66
1:A:803:LEU:HA	1:A:834:HIS:CE1	2.31	0.66
1:A:846:LYS:HB2	1:A:846:LYS:NZ	2.11	0.66
1:A:219:ARG:CD	1:A:219:ARG:H	2.02	0.66
1:A:219:ARG:HD2	1:A:219:ARG:N	2.00	0.66
1:A:732:LYS:HE3	1:A:735:ASP:H	1.60	0.66

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:834:HIS:HE1	3:A:1008:HOH:O	1.78	0.66
1:A:215:TRP:NE1	1:A:234:GLY:HA2	2.11	0.66
1:A:739:HIS:HA	1:A:761:GLU:OE1	1.96	0.66
1:A:425:ILE:HD11	1:A:443:GLU:HB2	1.77	0.65
1:A:574:LYS:HE3	1:A:593:GLU:HB3	1.77	0.65
1:A:259:ARG:NH1	1:A:266:LYS:HD3	2.11	0.65
1:A:548:ASN:O	3:A:1092:HOH:O	2.14	0.65
1:A:403:ALA:HB2	1:A:466:CYS:HB3	1.79	0.65
1:A:321:ASP:HB3	1:A:337:ARG:HG3	1.79	0.65
1:A:43:THR:HG22	1:A:45:GLU:N	2.06	0.65
1:A:483:PHE:CE2	1:A:485:LEU:HB2	2.32	0.65
1:A:57:ILE:HD11	1:A:209:LYS:HG2	1.79	0.65
1:A:542:THR:HG23	1:A:543:PRO:HD2	1.79	0.65
1:A:119:PHE:O	1:A:123:THR:HG22	1.97	0.65
1:A:864:LEU:O	1:A:867:ALA:HB3	1.97	0.65
1:A:107:LEU:HD11	1:A:279:GLU:CB	2.27	0.64
1:A:73:GLU:HG2	1:A:79:LYS:HA	1.79	0.64
1:A:93:SER:HB2	1:A:235:THR:HG21	1.80	0.64
1:A:185:ALA:O	1:A:189:GLU:HG2	1.98	0.64
1:A:37:PRO:HB2	1:A:240:GLN:NE2	2.11	0.64
1:A:549:ALA:HB2	1:A:856:PRO:HB3	1.78	0.64
1:A:109:LEU:HA	1:A:136:PHE:CE1	2.32	0.64
1:A:318:ASP:OD2	1:A:341:ARG:NH2	2.30	0.64
1:A:42:VAL:HB	1:A:237:VAL:CG1	2.28	0.64
1:A:563:GLU:HB3	1:A:567:PHE:CE2	2.33	0.64
1:A:99:MET:HG2	1:A:223:TYR:HE1	1.63	0.64
1:A:730:LYS:C	1:A:732:LYS:N	2.43	0.64
1:A:438:GLY:HA2	3:A:1156:HOH:O	1.98	0.63
1:A:499:ASP:C	1:A:501:SER:N	2.52	0.63
1:A:98:SER:C	1:A:100:PRO:HD3	2.18	0.63
1:A:347:LEU:HD11	1:A:376:LEU:HD21	1.81	0.63
1:A:360:THR:HG23	3:A:1014:HOH:O	1.97	0.63
1:A:414:ALA:HB3	3:A:1156:HOH:O	1.99	0.63
1:A:532:ARG:NH1	1:A:535:LYS:HA	2.14	0.63
1:A:93:SER:HB3	1:A:211:VAL:HG13	1.80	0.63
1:A:228:ASP:OD2	1:A:802:ARG:NE	2.31	0.63
1:A:135:ARG:HD2	1:A:277:GLN:OE1	1.97	0.63
1:A:668:ARG:O	1:A:672:THR:HG23	1.99	0.62
1:A:408:TYR:O	1:A:426:LEU:HD12	1.99	0.62
1:A:76:ASN:O	1:A:78:LYS:HG2	1.99	0.62
1:A:276:ALA:HB1	1:A:281:VAL:CG2	2.29	0.62

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:278:GLY:HA2	1:A:282:VAL:CG2	2.28	0.62
1:A:870:ALA:O	1:A:874:LYS:HG2	1.99	0.62
1:A:343:ALA:O	1:A:346:ALA:HB3	2.00	0.62
1:A:395:ALA:HB1	1:A:469:SER:O	2.00	0.62
1:A:253:THR:HA	1:A:325:THR:HA	1.82	0.62
1:A:449:ARG:HG3	1:A:450:GLY:H	1.63	0.62
1:A:534:LEU:CD1	1:A:845:HIS:HB2	2.30	0.62
1:A:399:SER:HB3	1:A:461:ARG:HG3	1.81	0.61
1:A:572:ILE:HG13	1:A:576:ARG:NE	2.06	0.61
1:A:7:LYS:HB2	1:A:10:GLU:HG3	1.82	0.61
1:A:272:TYR:CE1	1:A:289:GLN:HB2	2.35	0.61
1:A:664:HIS:NE2	1:A:672:THR:HG21	2.15	0.61
1:A:521:PHE:O	1:A:525:MET:HG2	2.01	0.61
1:A:673:TYR:HA	1:A:675:GLU:OE2	2.01	0.61
1:A:99:MET:N	1:A:100:PRO:HD3	2.15	0.61
1:A:122:LYS:HD3	1:A:122:LYS:O	2.01	0.61
1:A:551:LYS:HB3	3:A:1092:HOH:O	2.01	0.61
1:A:67:GLU:O	1:A:70:THR:HB	2.00	0.61
1:A:846:LYS:HZ2	1:A:846:LYS:HB2	1.63	0.61
1:A:579:ILE:O	1:A:651:LYS:HE2	2.01	0.60
1:A:158:ALA:O	1:A:162:GLU:HB3	2.01	0.60
1:A:392:ILE:HD12	1:A:485:LEU:HD22	1.83	0.60
1:A:842:GLU:HG2	1:A:846:LYS:HE3	1.83	0.60
1:A:259:ARG:HG2	1:A:266:LYS:HA	1.82	0.60
1:A:493:GLY:HA3	3:A:1048:HOH:O	2.01	0.60
1:A:537:ARG:NH2	1:A:702:GLU:OE1	2.33	0.60
1:A:624:HIS:CE1	1:A:629:HIS:HE2	2.20	0.60
1:A:714:LEU:HD21	1:A:760:ALA:HB2	1.83	0.60
1:A:8:PHE:CZ	1:A:26:LEU:HD13	2.36	0.60
1:A:579:ILE:HG22	1:A:651:LYS:HE2	1.82	0.60
1:A:285:VAL:CG2	1:A:286:ARG:H	1.95	0.60
1:A:98:SER:OG	1:A:100:PRO:HD3	2.00	0.60
1:A:259:ARG:NH2	1:A:266:LYS:HE3	2.17	0.60
1:A:270:GLY:HA2	1:A:452:MET:CE	2.32	0.60
1:A:843:PHE:CZ	1:A:847:VAL:HG21	2.36	0.60
1:A:277:GLN:N	1:A:281:VAL:HG21	2.16	0.60
1:A:391:VAL:HA	1:A:504:LYS:HB3	1.82	0.60
1:A:565:MET:CE	1:A:601:ASP:HB3	2.32	0.60
1:A:762:PHE:HA	1:A:826:LEU:HD12	1.83	0.59
1:A:789:TYR:O	1:A:794:ILE:N	2.34	0.59
1:A:294:LEU:O	1:A:294:LEU:HD13	2.02	0.59

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:58:THR:HG23	1:A:61:ILE:H	1.67	0.59
1:A:135:ARG:HG2	1:A:135:ARG:HH11	1.66	0.59
1:A:144:VAL:O	1:A:146:GLU:HG2	2.02	0.59
1:A:349:ILE:HG22	1:A:353:LEU:CD1	2.31	0.59
1:A:474:ILE:HG23	1:A:483:PHE:HD2	1.68	0.59
1:A:116:VAL:HG13	1:A:117:GLU:N	2.18	0.59
1:A:90:SER:HA	1:A:106:ILE:O	2.03	0.59
1:A:753:ALA:HB3	1:A:818:LYS:HB2	1.83	0.59
1:A:139:MET:HG2	3:A:1069:HOH:O	2.01	0.59
1:A:142:ASP:HA	1:A:145:MET:HE1	1.85	0.59
1:A:188:LYS:HE2	1:A:195:GLU:HA	1.84	0.59
1:A:664:HIS:CE1	1:A:672:THR:HG21	2.38	0.59
1:A:93:SER:HB3	1:A:211:VAL:CG1	2.32	0.59
1:A:94:GLY:HA2	1:A:103:MET:HE2	1.85	0.59
1:A:167:PHE:CB	1:A:169:THR:HG22	2.33	0.59
1:A:580:LEU:HD23	1:A:651:LYS:HG2	1.85	0.59
1:A:82:ASP:CG	1:A:83:THR:H	2.07	0.59
1:A:570:ASP:OD1	1:A:571:ARG:HG3	2.03	0.58
1:A:37:PRO:HB3	1:A:241:THR:O	2.02	0.58
1:A:245:GLY:O	1:A:275:ASN:HA	2.03	0.58
1:A:557:ILE:CD1	1:A:609:LEU:HD21	2.33	0.58
1:A:318:ASP:CG	1:A:341:ARG:HH22	2.07	0.58
1:A:563:GLU:HB3	1:A:567:PHE:HE2	1.67	0.58
1:A:577:LYS:HG2	1:A:641:MET:CE	2.34	0.58
1:A:30:THR:HG1	1:A:36:ILE:HD11	1.67	0.58
1:A:424:VAL:O	1:A:425:ILE:HD13	2.04	0.58
1:A:163:LYS:HG2	1:A:163:LYS:O	2.04	0.58
1:A:37:PRO:HB3	1:A:241:THR:HG23	1.86	0.58
1:A:263:THR:OG1	1:A:265:GLU:HG2	2.04	0.58
1:A:429:LEU:N	1:A:429:LEU:HD12	2.19	0.58
1:A:156:ILE:HD11	1:A:168:ASP:HB3	1.86	0.57
1:A:472:GLY:C	1:A:474:ILE:H	2.07	0.57
1:A:682:ARG:HH22	1:A:730:LYS:HZ3	1.50	0.57
1:A:317:ARG:O	1:A:367:ARG:NH2	2.33	0.57
1:A:381:PHE:CZ	1:A:496:ILE:CG2	2.87	0.57
1:A:429:LEU:CD1	1:A:429:LEU:H	2.15	0.57
1:A:754:ASP:OD1	1:A:754:ASP:N	2.38	0.57
1:A:261:PRO:HB2	1:A:461:ARG:HH21	1.69	0.57
1:A:495:TYR:C	1:A:496:ILE:HD12	2.25	0.57
1:A:786:LEU:O	1:A:789:TYR:HB2	2.03	0.57
1:A:34:MET:SD	1:A:312:LEU:HD21	2.44	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:261:PRO:CB	1:A:461:ARG:HH21	2.17	0.57
1:A:595:ILE:N	1:A:596:PRO:HD2	2.19	0.57
1:A:220:ALA:CB	1:A:224:ARG:HH21	2.17	0.57
1:A:534:LEU:HD11	1:A:845:HIS:HB2	1.87	0.57
1:A:624:HIS:CE1	1:A:629:HIS:NE2	2.72	0.57
1:A:186:VAL:HA	1:A:189:GLU:HG2	1.87	0.57
1:A:217:ASN:HD21	1:A:219:ARG:CD	2.18	0.57
1:A:395:ALA:HB3	1:A:468:VAL:HG12	1.86	0.57
1:A:131:ASP:HA	1:A:134:ARG:HD2	1.87	0.57
1:A:406:LYS:O	1:A:425:ILE:N	2.37	0.57
1:A:557:ILE:CG1	1:A:609:LEU:HD21	2.34	0.57
1:A:88:LEU:CD2	1:A:111:LEU:HG	2.33	0.57
1:A:691:VAL:HA	1:A:694:GLU:HG2	1.85	0.57
1:A:40:PHE:CZ	1:A:239:VAL:HB	2.40	0.56
1:A:256:ALA:HA	1:A:270:GLY:HA3	1.87	0.56
1:A:264:GLY:HA3	1:A:348:GLN:CG	2.35	0.56
1:A:392:ILE:HD11	1:A:495:TYR:CE1	2.40	0.56
1:A:130:TYR:CZ	1:A:177:LYS:HG3	2.41	0.56
1:A:398:ALA:O	1:A:461:ARG:HD2	2.05	0.56
1:A:451:GLY:H	1:A:454:SER:HB3	1.70	0.56
1:A:438:GLY:CA	3:A:1156:HOH:O	2.52	0.56
1:A:529:ASP:OD1	1:A:863:ARG:NH2	2.38	0.56
1:A:119:PHE:O	1:A:123:THR:CG2	2.54	0.56
1:A:513:GLN:HG3	1:A:514:GLU:N	2.18	0.56
1:A:18:LEU:O	1:A:43:THR:HG23	2.06	0.56
1:A:483:PHE:CE2	1:A:485:LEU:HD12	2.40	0.56
1:A:572:ILE:O	1:A:576:ARG:HG3	2.05	0.56
1:A:474:ILE:HG23	1:A:483:PHE:CD2	2.41	0.56
1:A:734:SER:C	1:A:736:MET:H	2.08	0.56
1:A:66:PHE:CE1	1:A:201:LYS:HG2	2.41	0.56
1:A:146:GLU:O	1:A:147:VAL:HG13	2.06	0.56
1:A:447:THR:OG1	1:A:469:SER:HA	2.06	0.56
1:A:584:VAL:HG22	1:A:587:ARG:NH1	2.21	0.56
1:A:395:ALA:HB3	1:A:468:VAL:CG1	2.36	0.55
1:A:515:ALA:O	1:A:516:SER:O	2.23	0.55
1:A:448:VAL:O	1:A:448:VAL:HG12	2.06	0.55
1:A:366:VAL:HG23	1:A:871:LEU:HD13	1.88	0.55
1:A:777:PHE:O	1:A:777:PHE:CD1	2.56	0.55
1:A:638:ALA:C	1:A:639:LYS:HD2	2.27	0.55
1:A:644:THR:H	1:A:647:GLU:CD	2.09	0.55
1:A:225:ARG:HG3	1:A:796:GLU:O	2.06	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:362:GLU:OE1	1:A:362:GLU:N	2.38	0.55
1:A:474:ILE:HG12	1:A:485:LEU:HG	1.87	0.55
1:A:624:HIS:CD2	1:A:656:HIS:HA	2.42	0.55
1:A:843:PHE:HA	1:A:846:LYS:NZ	2.21	0.55
1:A:549:ALA:HB2	1:A:856:PRO:CB	2.36	0.55
1:A:371:LYS:O	1:A:374:ASP:OD1	2.25	0.55
1:A:406:LYS:HA	1:A:493:GLY:O	2.07	0.55
1:A:143:VAL:C	1:A:145:MET:N	2.60	0.55
1:A:360:THR:O	1:A:363:GLU:HB2	2.06	0.55
1:A:91:VAL:CG2	1:A:109:LEU:HD13	2.37	0.55
1:A:131:ASP:O	1:A:134:ARG:HD2	2.07	0.55
1:A:158:ALA:O	1:A:162:GLU:CB	2.55	0.55
1:A:812:VAL:O	1:A:816:VAL:HG23	2.07	0.54
1:A:145:MET:C	1:A:145:MET:SD	2.85	0.54
1:A:392:ILE:CD1	1:A:485:LEU:HB3	2.36	0.54
1:A:91:VAL:O	1:A:106:ILE:N	2.32	0.54
1:A:419:GLU:C	1:A:421:GLY:H	2.09	0.54
1:A:859:VAL:N	1:A:860:PRO:CD	2.70	0.54
1:A:122:LYS:CD	1:A:122:LYS:C	2.74	0.54
1:A:146:GLU:HG3	1:A:187:TYR:CE2	2.42	0.54
1:A:424:VAL:HG12	1:A:425:ILE:N	2.22	0.54
1:A:475:LYS:HD2	1:A:475:LYS:N	2.23	0.54
1:A:574:LYS:HB2	1:A:594:LEU:HD21	1.89	0.54
1:A:674:PRO:O	1:A:677:ALA:N	2.41	0.54
1:A:131:ASP:O	1:A:134:ARG:CD	2.56	0.54
1:A:4:TRP:HD1	1:A:64:GLN:NE2	2.06	0.54
1:A:197:PRO:HB2	1:A:203:GLN:HG2	1.90	0.54
1:A:585:GLU:O	1:A:589:GLU:HG2	2.08	0.54
1:A:277:GLN:O	1:A:278:GLY:C	2.46	0.54
1:A:404:ALA:CB	1:A:496:ILE:HG13	2.36	0.54
1:A:224:ARG:HG2	1:A:229:ILE:HB	1.89	0.54
1:A:532:ARG:NH1	1:A:534:LEU:O	2.37	0.54
1:A:294:LEU:HD12	1:A:302:TYR:HD1	1.74	0.53
1:A:327:GLU:HB2	1:A:332:TYR:CE2	2.42	0.53
1:A:722:VAL:O	1:A:726:GLU:HB2	2.08	0.53
1:A:843:PHE:HA	1:A:846:LYS:HZ2	1.72	0.53
1:A:644:THR:O	1:A:647:GLU:HG2	2.08	0.53
1:A:727:GLN:O	1:A:730:LYS:HD3	2.07	0.53
1:A:134:ARG:HD3	1:A:135:ARG:H	1.72	0.53
1:A:342:THR:HG22	1:A:345:ALA:HB3	1.90	0.53
1:A:449:ARG:O	1:A:470:GLY:HA2	2.08	0.53

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:276:ALA:HB2	1:A:286:ARG:HH22	1.73	0.53
1:A:707:LEU:HG	1:A:746:ILE:HD11	1.91	0.53
1:A:99:MET:HG2	1:A:223:TYR:CE1	2.43	0.53
1:A:37:PRO:CB	1:A:240:GLN:HE21	2.20	0.53
1:A:732:LYS:O	1:A:734:SER:N	2.41	0.53
1:A:787:ASP:HA	1:A:790:TYR:HD2	1.74	0.53
1:A:80:PHE:CE2	1:A:200:PRO:HB2	2.43	0.53
1:A:498:LEU:HD22	1:A:500:GLY:N	2.24	0.53
1:A:639:LYS:HD2	1:A:639:LYS:N	2.23	0.53
1:A:843:PHE:CE2	1:A:847:VAL:HG21	2.43	0.53
1:A:241:THR:HG23	1:A:241:THR:O	2.09	0.53
1:A:396:LEU:HD12	1:A:397:PRO:CD	2.37	0.53
1:A:572:ILE:O	1:A:575:ILE:HG22	2.08	0.53
1:A:763:PHE:CD2	1:A:826:LEU:HD21	2.44	0.53
1:A:141:SER:OG	1:A:187:TYR:HD2	1.92	0.52
1:A:338:ASN:N	1:A:338:ASN:OD1	2.42	0.52
1:A:363:GLU:O	1:A:367:ARG:HG3	2.08	0.52
1:A:359:ILE:HB	1:A:363:GLU:OE1	2.09	0.52
1:A:799:PRO:O	1:A:834:HIS:NE2	2.42	0.52
1:A:138:GLN:HG3	1:A:152:PHE:CG	2.44	0.52
1:A:399:SER:HB2	1:A:465:THR:O	2.09	0.52
1:A:109:LEU:HD23	1:A:109:LEU:C	2.29	0.52
1:A:144:VAL:O	1:A:144:VAL:HG12	2.10	0.52
1:A:62:GLN:HG2	1:A:66:PHE:CD2	2.44	0.52
1:A:783:GLY:HA2	1:A:786:LEU:HB2	1.92	0.52
1:A:514:GLU:O	1:A:515:ALA:HB2	2.08	0.52
1:A:244:PHE:CD1	1:A:244:PHE:N	2.78	0.52
1:A:381:PHE:CG	1:A:402:ALA:HB1	2.45	0.52
1:A:32:LEU:HD21	1:A:315:HIS:CE1	2.44	0.52
1:A:734:SER:C	1:A:736:MET:N	2.63	0.52
1:A:147:VAL:HG11	1:A:190:ALA:CB	2.40	0.52
1:A:159:MET:SD	1:A:179:LEU:HD13	2.50	0.51
1:A:513:GLN:O	1:A:514:GLU:HB2	2.10	0.51
1:A:595:ILE:O	1:A:599:LYS:HB2	2.10	0.51
1:A:691:VAL:HA	1:A:694:GLU:CG	2.40	0.51
1:A:783:GLY:HA2	3:A:1114:HOH:O	2.11	0.51
1:A:253:THR:HG23	1:A:253:THR:O	2.09	0.51
1:A:408:TYR:HB2	1:A:414:ALA:HB2	1.93	0.51
1:A:804:ASP:HB3	1:A:808:VAL:HG23	1.92	0.51
1:A:112:ASN:HB2	1:A:198:GLN:OE1	2.11	0.51
1:A:521:PHE:CE1	1:A:860:PRO:HB3	2.45	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:542:THR:HG21	3:A:1117:HOH:O	2.10	0.51
1:A:29:MET:SD	1:A:336:THR:OG1	2.67	0.51
1:A:565:MET:HB3	1:A:598:GLN:HG2	1.92	0.51
1:A:782:ALA:HB1	1:A:786:LEU:HD22	1.93	0.51
1:A:18:LEU:HD23	1:A:43:THR:HG23	1.93	0.51
1:A:570:ASP:O	1:A:571:ARG:HG2	2.10	0.51
1:A:58:THR:HG22	1:A:61:ILE:HD12	1.91	0.51
1:A:142:ASP:O	1:A:145:MET:HA	2.11	0.51
1:A:564:HIS:HA	1:A:567:PHE:HB2	1.92	0.51
1:A:527:TRP:HD1	1:A:530:LYS:HD3	1.76	0.51
1:A:73:GLU:HA	1:A:78:LYS:O	2.11	0.51
1:A:867:ALA:O	1:A:870:ALA:HB3	2.11	0.51
1:A:390:GLU:HB3	1:A:505:ILE:HG21	1.91	0.51
1:A:541:ASP:OD1	1:A:561:ARG:N	2.44	0.51
1:A:145:MET:SD	1:A:146:GLU:N	2.84	0.50
1:A:215:TRP:CE2	1:A:234:GLY:HA2	2.46	0.50
1:A:258:THR:OG1	1:A:319:MET:HG2	2.11	0.50
1:A:419:GLU:HA	1:A:441:ALA:HB1	1.93	0.50
1:A:361:GLU:HG2	1:A:527:TRP:CE2	2.45	0.50
1:A:446:LEU:HD11	1:A:474:ILE:HD13	1.93	0.50
1:A:163:LYS:O	1:A:165:VAL:HG23	2.11	0.50
1:A:247:LYS:HD2	1:A:328:GLU:CD	2.31	0.50
1:A:342:THR:HG23	1:A:345:ALA:H	1.76	0.50
1:A:319:MET:O	1:A:338:ASN:HA	2.11	0.50
1:A:769:ASP:HA	1:A:772:GLN:HE21	1.75	0.50
1:A:565:MET:HE2	1:A:601:ASP:HB3	1.93	0.50
1:A:620:ASP:H	1:A:621:PRO:HD2	1.76	0.50
1:A:57:ILE:HD11	1:A:209:LYS:CG	2.41	0.50
1:A:217:ASN:ND2	1:A:219:ARG:NH1	2.56	0.50
1:A:685:MET:HG3	1:A:725:ALA:HA	1.94	0.50
1:A:92:ARG:HH22	1:A:279:GLU:CD	2.14	0.49
1:A:782:ALA:CB	1:A:786:LEU:HD22	2.42	0.49
1:A:758:GLU:O	1:A:823:ARG:NH2	2.44	0.49
1:A:82:ASP:CG	1:A:83:THR:N	2.65	0.49
1:A:227:ASN:O	1:A:229:ILE:HG13	2.13	0.49
1:A:91:VAL:HG21	1:A:109:LEU:HD13	1.93	0.49
1:A:273:LEU:HD11	1:A:286:ARG:O	2.13	0.49
1:A:247:LYS:HE2	1:A:327:GLU:OE1	2.11	0.49
1:A:336:THR:O	1:A:337:ARG:HB3	2.12	0.49
1:A:364:ALA:O	1:A:368:ILE:CD1	2.59	0.49
1:A:483:PHE:HE2	1:A:485:LEU:HB2	1.76	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:58:THR:CG2	1:A:61:ILE:HG13	2.42	0.49
1:A:787:ASP:HA	1:A:790:TYR:CD2	2.48	0.49
1:A:498:LEU:CD2	1:A:500:GLY:H	2.25	0.49
1:A:682:ARG:HH22	1:A:730:LYS:NZ	2.09	0.49
1:A:381:PHE:CD2	1:A:402:ALA:HB1	2.47	0.49
1:A:138:GLN:O	1:A:141:SER:HB2	2.13	0.49
1:A:207:ALA:O	1:A:210:ALA:HB3	2.13	0.49
1:A:349:ILE:HG22	1:A:353:LEU:HD12	1.94	0.49
1:A:61:ILE:HG22	1:A:62:GLN:N	2.28	0.49
1:A:835:GLY:O	1:A:852:VAL:CG1	2.61	0.49
1:A:859:VAL:O	1:A:863:ARG:HG3	2.12	0.49
1:A:258:THR:HG23	1:A:322:MET:HE1	1.94	0.49
1:A:427:VAL:HG13	1:A:446:LEU:HD12	1.95	0.49
1:A:261:PRO:HG3	1:A:461:ARG:NH2	2.28	0.49
1:A:644:THR:OG1	1:A:647:GLU:HG2	2.13	0.49
1:A:308:LEU:HD12	1:A:333:PHE:CE1	2.48	0.49
1:A:631:GLU:HA	1:A:634:GLN:HG3	1.94	0.49
1:A:577:LYS:HG2	1:A:641:MET:HE3	1.95	0.49
1:A:773:MET:HA	1:A:773:MET:HE3	1.94	0.49
1:A:432:SER:HB2	1:A:433:PRO:HD2	1.95	0.48
1:A:392:ILE:O	1:A:485:LEU:HD22	2.13	0.48
1:A:665:ARG:HA	1:A:669:LEU:HG	1.95	0.48
1:A:373:LEU:HB3	1:A:376:LEU:HD12	1.94	0.48
1:A:312:LEU:O	1:A:316:PHE:HD2	1.96	0.48
1:A:375:GLN:CD	1:A:464:GLY:HA3	2.34	0.48
1:A:572:ILE:HG12	1:A:576:ARG:HH21	1.77	0.48
1:A:577:LYS:HG2	1:A:641:MET:HE1	1.94	0.48
1:A:57:ILE:CD1	1:A:209:LYS:HG2	2.43	0.48
1:A:565:MET:HE1	1:A:601:ASP:HB3	1.94	0.48
1:A:651:LYS:O	1:A:654:GLU:N	2.39	0.48
1:A:699:ILE:HG22	1:A:700:VAL:N	2.28	0.48
1:A:735:ASP:OD1	1:A:735:ASP:N	2.47	0.48
1:A:778:SER:O	1:A:779:ARG:C	2.52	0.48
1:A:293:GLN:C	1:A:295:GLU:H	2.16	0.48
1:A:408:TYR:HD2	1:A:413:GLU:HG3	1.78	0.48
1:A:37:PRO:HD2	1:A:240:GLN:NE2	2.27	0.48
1:A:269:TYR:CE1	1:A:452:MET:HG3	2.48	0.48
1:A:445:ILE:O	1:A:467:CYS:HA	2.13	0.48
1:A:4:TRP:CH2	1:A:49:GLU:HG2	2.49	0.48
1:A:230:PRO:CG	1:A:233:TRP:CE2	2.96	0.48
1:A:757:ALA:HB3	1:A:822:THR:HG1	1.78	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:557:ILE:HG13	1:A:609:LEU:CD2	2.44	0.48
1:A:571:ARG:CZ	1:A:597:PHE:HB3	2.44	0.48
1:A:82:ASP:O	1:A:115:ALA:HB2	2.13	0.48
1:A:347:LEU:O	1:A:350:ALA:HB3	2.14	0.48
1:A:409:PHE:CD1	1:A:409:PHE:N	2.82	0.48
1:A:403:ALA:HB3	1:A:466:CYS:SG	2.53	0.48
1:A:217:ASN:HD21	1:A:219:ARG:HD3	1.78	0.47
1:A:409:PHE:HE1	1:A:492:GLU:HG3	1.78	0.47
1:A:521:PHE:O	1:A:524:ILE:HG23	2.14	0.47
1:A:36:ILE:HG13	1:A:36:ILE:O	2.13	0.47
1:A:428:ARG:HD2	3:A:1151:HOH:O	2.14	0.47
1:A:485:LEU:HD13	1:A:495:TYR:OH	2.14	0.47
1:A:550:VAL:HA	1:A:554:ALA:HB3	1.95	0.47
1:A:561:ARG:HB3	1:A:563:GLU:OE1	2.15	0.47
1:A:573:MET:CE	1:A:637:LEU:HD13	2.44	0.47
1:A:726:GLU:OE1	1:A:729:LYS:HD2	2.14	0.47
1:A:92:ARG:HA	1:A:104:ASP:O	2.14	0.47
1:A:92:ARG:NH2	1:A:279:GLU:OE2	2.47	0.47
1:A:142:ASP:O	1:A:145:MET:CA	2.62	0.47
1:A:496:ILE:HG12	1:A:510:ILE:N	2.29	0.47
1:A:138:GLN:HG3	1:A:152:PHE:CD2	2.49	0.47
1:A:264:GLY:O	1:A:265:GLU:C	2.51	0.47
1:A:666:GLY:O	1:A:668:ARG:N	2.46	0.47
1:A:196:PHE:CG	1:A:197:PRO:HD2	2.49	0.47
1:A:59:GLN:HG2	1:A:60:GLU:H	1.80	0.47
1:A:762:PHE:HA	1:A:826:LEU:CD1	2.44	0.47
1:A:99:MET:N	1:A:100:PRO:CD	2.77	0.47
1:A:342:THR:O	1:A:346:ALA:HB2	2.15	0.47
1:A:578:MET:HG2	1:A:587:ARG:HG2	1.96	0.47
1:A:644:THR:H	1:A:647:GLU:CG	2.28	0.47
1:A:767:THR:O	1:A:771:THR:HB	2.15	0.47
1:A:116:VAL:HG13	1:A:117:GLU:H	1.79	0.47
1:A:262:SER:HA	1:A:342:THR:HG21	1.96	0.47
1:A:401:GLY:O	1:A:498:LEU:HA	2.15	0.47
1:A:392:ILE:HD11	1:A:495:TYR:HE1	1.80	0.47
1:A:542:THR:CG2	1:A:543:PRO:HD2	2.43	0.47
1:A:262:SER:HA	1:A:342:THR:CG2	2.44	0.47
1:A:373:LEU:O	1:A:376:LEU:HB2	2.15	0.47
1:A:277:GLN:H	1:A:281:VAL:CG2	2.25	0.47
1:A:293:GLN:C	1:A:295:GLU:N	2.68	0.47
1:A:230:PRO:HG2	1:A:233:TRP:CD2	2.50	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:498:LEU:HD13	1:A:500:GLY:H	1.79	0.47
1:A:552:LEU:HD12	1:A:856:PRO:O	2.15	0.47
1:A:134:ARG:HH11	1:A:134:ARG:HG2	1.78	0.46
1:A:557:ILE:HD11	1:A:609:LEU:HD21	1.96	0.46
1:A:658:PHE:HA	3:A:1106:HOH:O	2.14	0.46
1:A:310:MET:O	1:A:314:LYS:HG3	2.16	0.46
1:A:370:ALA:O	1:A:372:SER:N	2.48	0.46
1:A:733:GLY:O	1:A:734:SER:O	2.33	0.46
1:A:312:LEU:HD22	1:A:336:THR:HG21	1.97	0.46
1:A:407:VAL:C	1:A:408:TYR:CD1	2.88	0.46
1:A:278:GLY:C	1:A:280:ASP:N	2.69	0.46
1:A:667:CYS:HB2	1:A:706:PRO:O	2.16	0.46
1:A:244:PHE:HB3	1:A:246:ASN:OD1	2.15	0.46
1:A:270:GLY:HA2	1:A:452:MET:HE1	1.96	0.46
1:A:429:LEU:O	1:A:447:THR:HB	2.16	0.46
1:A:472:GLY:C	1:A:474:ILE:N	2.68	0.46
1:A:481:LYS:CE	1:A:492:GLU:OE2	2.64	0.46
1:A:688:ALA:O	1:A:689:ILE:C	2.53	0.46
1:A:260:ASN:OD1	1:A:262:SER:N	2.40	0.46
1:A:261:PRO:CG	1:A:461:ARG:HH21	2.29	0.46
1:A:38:GLN:O	1:A:241:THR:HG22	2.16	0.46
1:A:490:PHE:N	1:A:490:PHE:CD1	2.84	0.46
1:A:4:TRP:HD1	1:A:64:GLN:HE22	1.63	0.46
1:A:651:LYS:O	1:A:652:VAL:C	2.55	0.46
1:A:664:HIS:NE2	1:A:672:THR:CG2	2.79	0.46
1:A:368:ILE:CG2	1:A:864:LEU:HD11	2.45	0.46
1:A:143:VAL:O	1:A:145:MET:N	2.35	0.45
1:A:732:LYS:HE3	1:A:734:SER:HA	1.97	0.45
1:A:722:VAL:HG22	1:A:738:TYR:OH	2.15	0.45
1:A:527:TRP:HA	1:A:530:LYS:HG2	1.98	0.45
1:A:678:LYS:O	1:A:724:VAL:HG11	2.17	0.45
1:A:72:LEU:O	1:A:75:LEU:HB3	2.15	0.45
1:A:513:GLN:CG	1:A:514:GLU:H	2.21	0.45
1:A:527:TRP:O	1:A:531:PHE:CD2	2.70	0.45
1:A:640:ASN:O	1:A:641:MET:HG2	2.17	0.45
1:A:799:PRO:O	1:A:834:HIS:CE1	2.70	0.45
1:A:116:VAL:O	1:A:119:PHE:HB3	2.17	0.45
1:A:133:TYR:CZ	1:A:137:ILE:HD11	2.51	0.45
1:A:107:LEU:HD21	1:A:279:GLU:OE2	2.17	0.45
1:A:58:THR:HG22	1:A:61:ILE:CG1	2.46	0.45
1:A:689:ILE:HA	1:A:736:MET:HE3	1.99	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:765:PHE:CE1	1:A:815:ALA:HB3	2.51	0.45
1:A:261:PRO:CG	1:A:461:ARG:NH2	2.80	0.45
1:A:527:TRP:O	1:A:530:LYS:HG2	2.17	0.45
1:A:293:GLN:HG3	1:A:296:ASN:HD22	1.82	0.45
1:A:681:THR:O	1:A:685:MET:HG2	2.17	0.45
1:A:125:ASN:O	1:A:128:PHE:HB3	2.16	0.45
1:A:419:GLU:HB3	1:A:420:LYS:H	1.51	0.45
1:A:574:LYS:CE	1:A:593:GLU:HB3	2.43	0.45
1:A:835:GLY:O	1:A:852:VAL:HG11	2.17	0.45
1:A:268:ILE:HG13	1:A:306:MET:CE	2.46	0.45
1:A:368:ILE:HD12	1:A:368:ILE:N	2.32	0.45
1:A:425:ILE:HD13	1:A:443:GLU:HB2	1.96	0.45
1:A:521:PHE:CE1	1:A:525:MET:CE	2.99	0.45
1:A:576:ARG:HH11	1:A:628:PRO:CD	2.20	0.45
1:A:830:ILE:HB	1:A:849:LEU:HD11	1.98	0.45
1:A:630:THR:O	1:A:633:GLU:N	2.49	0.44
1:A:692:LYS:HE2	1:A:698:ASP:HA	1.99	0.44
1:A:732:LYS:CG	1:A:734:SER:H	2.03	0.44
1:A:5:VAL:HA	1:A:41:THR:O	2.17	0.44
1:A:624:HIS:HD2	1:A:656:HIS:N	2.13	0.44
1:A:587:ARG:HD2	1:A:675:GLU:OE1	2.18	0.44
1:A:84:GLU:OE2	1:A:121:LYS:NZ	2.40	0.44
1:A:565:MET:HB3	1:A:598:GLN:CG	2.48	0.44
1:A:598:GLN:O	1:A:601:ASP:HB2	2.17	0.44
1:A:219:ARG:CD	1:A:434:GLU:OE2	2.65	0.44
1:A:391:VAL:HG22	1:A:504:LYS:HE3	2.00	0.44
1:A:674:PRO:O	1:A:676:ILE:N	2.51	0.44
1:A:4:TRP:CH2	1:A:49:GLU:CG	3.00	0.44
1:A:752:THR:O	1:A:756:ILE:HG12	2.17	0.44
1:A:138:GLN:HG3	1:A:152:PHE:CB	2.48	0.44
1:A:586:ALA:O	1:A:589:GLU:HB2	2.17	0.44
1:A:566:PHE:CE1	1:A:680:GLN:NE2	2.86	0.44
1:A:825:GLY:O	1:A:826:LEU:C	2.56	0.44
1:A:834:HIS:O	1:A:840:SER:HB2	2.18	0.44
1:A:624:HIS:CE1	1:A:629:HIS:CD2	3.06	0.44
1:A:804:ASP:HB3	1:A:808:VAL:CG2	2.48	0.44
1:A:128:PHE:O	1:A:129:ALA:C	2.57	0.43
1:A:27:ALA:O	1:A:31:ILE:HD13	2.18	0.43
1:A:620:ASP:N	1:A:621:PRO:HD2	2.33	0.43
1:A:837:ASP:O	1:A:841:VAL:HG23	2.18	0.43
1:A:131:ASP:HB2	1:A:176:LEU:HD13	1.99	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:37:PRO:HD2	1:A:240:GLN:HE22	1.82	0.43
1:A:245:GLY:HA3	1:A:252:GLY:O	2.17	0.43
1:A:385:ALA:HB1	1:A:510:ILE:HG23	1.98	0.43
1:A:40:PHE:CZ	1:A:239:VAL:CB	3.01	0.43
1:A:584:VAL:HG23	1:A:587:ARG:NH2	2.32	0.43
1:A:557:ILE:HB	1:A:614:MET:HA	2.00	0.43
1:A:11:GLY:HA2	1:A:15:MET:CE	2.48	0.43
1:A:446:LEU:HD23	1:A:468:VAL:HB	2.00	0.43
1:A:552:LEU:O	1:A:863:ARG:NH1	2.50	0.43
1:A:818:LYS:HA	1:A:821:GLN:HG3	2.01	0.43
1:A:59:GLN:HG2	1:A:60:GLU:N	2.33	0.43
1:A:577:LYS:CG	1:A:641:MET:HE3	2.49	0.43
1:A:674:PRO:O	1:A:675:GLU:C	2.56	0.43
1:A:745:GLU:HA	1:A:770:LEU:HB2	1.99	0.43
1:A:782:ALA:HA	1:A:785:PHE:CE2	2.53	0.43
1:A:663:GLY:O	1:A:668:ARG:HD2	2.19	0.43
1:A:245:GLY:HA2	1:A:251:SER:HB3	2.01	0.43
1:A:275:ASN:O	1:A:276:ALA:HB2	2.18	0.43
1:A:268:ILE:CG1	1:A:306:MET:SD	2.91	0.43
1:A:337:ARG:O	1:A:338:ASN:C	2.56	0.43
1:A:474:ILE:HG22	1:A:476:ILE:HG13	2.00	0.43
1:A:521:PHE:CE1	1:A:525:MET:HE2	2.53	0.43
1:A:708:VAL:HG11	1:A:714:LEU:HB2	2.01	0.43
1:A:147:VAL:CG1	1:A:190:ALA:HB1	2.48	0.43
1:A:277:GLN:N	1:A:281:VAL:CG2	2.81	0.43
1:A:362:GLU:O	1:A:366:VAL:HG23	2.19	0.43
1:A:123:THR:CG2	1:A:124:GLY:N	2.82	0.43
1:A:215:TRP:O	1:A:215:TRP:CD1	2.72	0.43
1:A:215:TRP:O	1:A:215:TRP:CG	2.72	0.43
1:A:391:VAL:HG13	1:A:502:THR:HB	2.01	0.43
1:A:43:THR:HG21	1:A:45:GLU:OE1	2.19	0.43
1:A:167:PHE:C	1:A:169:THR:N	2.71	0.42
1:A:566:PHE:CD2	1:A:575:ILE:HD13	2.54	0.42
1:A:728:VAL:HA	1:A:730:LYS:HE2	2.01	0.42
1:A:552:LEU:HD13	1:A:860:PRO:HD3	2.01	0.42
1:A:351:CYS:O	1:A:354:VAL:HB	2.18	0.42
1:A:391:VAL:HG22	1:A:504:LYS:CE	2.50	0.42
1:A:765:PHE:HE1	1:A:815:ALA:HB3	1.83	0.42
1:A:217:ASN:HD21	1:A:219:ARG:NH1	2.05	0.42
1:A:310:MET:HG2	3:A:1191:HOH:O	2.18	0.42
1:A:473:GLU:CD	1:A:473:GLU:N	2.69	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:580:LEU:CD2	1:A:651:LYS:HG2	2.47	0.42
1:A:2:ALA:O	1:A:3:LYS:C	2.58	0.42
1:A:409:PHE:HA	1:A:427:VAL:O	2.19	0.42
1:A:496:ILE:HD13	1:A:505:ILE:O	2.19	0.42
1:A:569:ALA:C	1:A:571:ARG:H	2.23	0.42
1:A:308:LEU:HD12	1:A:333:PHE:HE1	1.84	0.42
1:A:580:LEU:HD13	1:A:643:LEU:CD1	2.50	0.42
1:A:131:ASP:CA	1:A:176:LEU:HD13	2.50	0.42
1:A:223:TYR:O	1:A:227:ASN:ND2	2.50	0.42
1:A:92:ARG:HH22	1:A:279:GLU:CG	2.31	0.42
1:A:107:LEU:HD21	1:A:279:GLU:HG2	2.02	0.42
1:A:50:TYR:O	1:A:55:LYS:HA	2.20	0.42
1:A:199:GLU:O	1:A:202:ASP:N	2.47	0.42
1:A:4:TRP:CE3	1:A:46:ALA:HA	2.55	0.42
1:A:874:LYS:HE2	1:A:874:LYS:CA	2.41	0.42
1:A:141:SER:CB	1:A:152:PHE:CE2	3.03	0.42
1:A:103:MET:HE1	1:A:235:THR:HG23	2.02	0.42
1:A:343:ALA:HB3	1:A:344:PRO:CD	2.40	0.42
1:A:433:PRO:HD3	1:A:455:HIS:NE2	2.34	0.42
1:A:90:SER:CA	1:A:106:ILE:O	2.67	0.42
1:A:131:ASP:O	1:A:134:ARG:HD3	2.20	0.42
1:A:419:GLU:HG3	3:A:1206:HOH:O	2.19	0.42
1:A:600:GLY:O	1:A:603:LYS:HB2	2.20	0.42
1:A:765:PHE:HD2	1:A:829:GLY:O	2.02	0.42
1:A:221:ILE:HG22	3:A:1034:HOH:O	2.20	0.41
1:A:272:TYR:OH	1:A:289:GLN:NE2	2.52	0.41
1:A:396:LEU:HD23	1:A:469:SER:OG	2.20	0.41
1:A:623:LEU:HD11	1:A:673:TYR:CE2	2.55	0.41
1:A:715:LYS:O	1:A:716:PHE:C	2.58	0.41
1:A:722:VAL:O	1:A:726:GLU:HG2	2.21	0.41
1:A:751:LEU:HD23	1:A:814:MET:SD	2.61	0.41
1:A:859:VAL:HB	1:A:860:PRO:HD3	2.01	0.41
1:A:521:PHE:HE1	1:A:860:PRO:HB3	1.85	0.41
1:A:327:GLU:HB2	1:A:332:TYR:HE2	1.82	0.41
1:A:36:ILE:HA	1:A:37:PRO:HD3	1.86	0.41
1:A:417:ALA:O	1:A:422:GLU:HB3	2.20	0.41
1:A:456:ALA:O	1:A:460:ALA:CB	2.68	0.41
1:A:567:PHE:O	1:A:572:ILE:HB	2.20	0.41
1:A:44:THR:HA	1:A:235:THR:O	2.21	0.41
1:A:692:LYS:O	1:A:692:LYS:HD3	2.21	0.41
1:A:176:LEU:O	1:A:177:LYS:C	2.59	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:219:ARG:CD	1:A:219:ARG:N	2.71	0.41
1:A:285:VAL:O	1:A:286:ARG:C	2.59	0.41
1:A:252:GLY:O	1:A:325:THR:HA	2.21	0.41
1:A:368:ILE:HD12	1:A:368:ILE:H	1.86	0.41
1:A:630:THR:O	1:A:632:GLU:N	2.53	0.41
1:A:661:MET:HE3	1:A:772:GLN:HB2	2.02	0.41
1:A:277:GLN:C	1:A:281:VAL:HG22	2.41	0.41
1:A:330:LYS:HA	1:A:330:LYS:HD3	1.94	0.41
1:A:230:PRO:HG3	1:A:233:TRP:CE2	2.56	0.41
1:A:406:LYS:HD2	1:A:422:GLU:OE1	2.21	0.41
1:A:791:LYS:C	1:A:793:LYS:H	2.24	0.41
1:A:138:GLN:HE21	1:A:152:PHE:HB3	1.86	0.41
1:A:321:ASP:O	1:A:337:ARG:HG2	2.21	0.41
1:A:43:THR:HG22	1:A:44:THR:N	2.35	0.41
1:A:592:ASN:HA	1:A:595:ILE:HG13	2.02	0.41
1:A:62:GLN:O	1:A:65:ILE:N	2.51	0.41
1:A:7:LYS:HD3	1:A:71:TRP:CE2	2.55	0.41
1:A:779:ARG:NH2	1:A:833:GLU:OE2	2.45	0.41
1:A:186:VAL:HA	1:A:189:GLU:CG	2.51	0.41
1:A:218:PRO:CG	1:A:219:ARG:CZ	2.94	0.41
1:A:399:SER:CB	1:A:465:THR:O	2.68	0.41
1:A:846:LYS:HD3	1:A:873:ASN:ND2	2.36	0.41
1:A:160:LYS:C	1:A:162:GLU:H	2.25	0.40
1:A:40:PHE:CZ	1:A:239:VAL:HG11	2.56	0.40
1:A:278:GLY:O	1:A:279:GLU:C	2.59	0.40
1:A:224:ARG:HB3	1:A:229:ILE:O	2.21	0.40
1:A:834:HIS:CD2	1:A:834:HIS:N	2.89	0.40
1:A:116:VAL:CG1	1:A:117:GLU:N	2.84	0.40
1:A:381:PHE:HA	1:A:512:THR:HA	2.03	0.40
1:A:726:GLU:O	1:A:729:LYS:HB2	2.20	0.40
1:A:790:TYR:HA	1:A:795:TYR:O	2.20	0.40
1:A:763:PHE:CG	1:A:826:LEU:HD21	2.57	0.40
1:A:15:MET:HG3	1:A:19:LEU:HD12	2.04	0.40
1:A:191:MET:O	1:A:192:ASN:C	2.60	0.40
1:A:313:GLU:HG3	1:A:319:MET:HA	2.03	0.40
1:A:349:ILE:HG22	1:A:353:LEU:HD11	2.02	0.40
1:A:618:TYR:O	1:A:619:LEU:C	2.58	0.40
1:A:624:HIS:CD2	1:A:656:HIS:CA	3.04	0.40
1:A:731:GLU:O	1:A:732:LYS:CB	2.70	0.40
1:A:715:LYS:HD2	1:A:759:GLU:CD	2.42	0.40
1:A:662:MET:SD	1:A:773:MET:HE1	2.62	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:846:LYS:CB	1:A:846:LYS:NZ	2.83	0.40
1:A:417:ALA:O	1:A:418:HIS:O	2.40	0.40
1:A:643:LEU:HD22	1:A:647:GLU:OE1	2.22	0.40
1:A:80:PHE:HE1	1:A:89:VAL:HG22	1.86	0.40

There are no symmetry-related clashes.

5.3 Torsion angles [i](#)

5.3.1 Protein backbone [i](#)

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution.

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	865/873 (99%)	703 (81%)	123 (14%)	39 (4%)	2 3

All (39) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	103	MET
1	A	163	LYS
1	A	279	GLU
1	A	285	VAL
1	A	400	PRO
1	A	419	GLU
1	A	473	GLU
1	A	516	SER
1	A	667	CYS
1	A	675	GLU
1	A	732	LYS
1	A	734	SER
1	A	3	LYS
1	A	82	ASP
1	A	265	GLU
1	A	278	GLY
1	A	371	LYS

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	418	HIS
1	A	450	GLY
1	A	826	LEU
1	A	145	MET
1	A	242	MET
1	A	501	SER
1	A	518	SER
1	A	817	LYS
1	A	144	VAL
1	A	275	ASN
1	A	299	PRO
1	A	398	ALA
1	A	514	GLU
1	A	568	GLU
1	A	747	PRO
1	A	216	ASP
1	A	143	VAL
1	A	337	ARG
1	A	370	ALA
1	A	570	ASP
1	A	631	GLU
1	A	218	PRO

5.3.2 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 X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution.

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	710/713 (100%)	643 (91%)	67 (9%)	8 17

All (67) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	18	LEU
1	A	31	ILE
1	A	49	GLU
1	A	51	TYR

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	64	GLN
1	A	74	GLU
1	A	75	LEU
1	A	105	THR
1	A	134	ARG
1	A	147	VAL
1	A	168	ASP
1	A	182	LYS
1	A	192	ASN
1	A	195	GLU
1	A	205	MET
1	A	217	ASN
1	A	219	ARG
1	A	228	ASP
1	A	235	THR
1	A	244	PHE
1	A	279	GLU
1	A	310	MET
1	A	322	MET
1	A	327	GLU
1	A	334	LEU
1	A	336	THR
1	A	338	ASN
1	A	341	ARG
1	A	409	PHE
1	A	410	THR
1	A	422	GLU
1	A	429	LEU
1	A	430	GLU
1	A	434	GLU
1	A	436	ILE
1	A	446	LEU
1	A	452	MET
1	A	466	CYS
1	A	473	GLU
1	A	475	LYS
1	A	485	LEU
1	A	489	THR
1	A	490	PHE
1	A	494	ASP
1	A	498	LEU
1	A	504	LYS

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	512	THR
1	A	529	ASP
1	A	530	LYS
1	A	570	ASP
1	A	578	MET
1	A	588	GLU
1	A	665	ARG
1	A	675	GLU
1	A	722	VAL
1	A	731	GLU
1	A	734	SER
1	A	738	TYR
1	A	743	MET
1	A	773	MET
1	A	777	PHE
1	A	780	ASP
1	A	786	LEU
1	A	802	ARG
1	A	817	LYS
1	A	839	SER
1	A	864	LEU

Some sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (12) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	38	GLN
1	A	52	ASN
1	A	59	GLN
1	A	64	GLN
1	A	138	GLN
1	A	217	ASN
1	A	240	GLN
1	A	289	GLN
1	A	296	ASN
1	A	382	ASN
1	A	513	GLN
1	A	624	HIS

5.3.3 RNA

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

5.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

5.6 Ligand geometry [i](#)

2 ligands are modelled in this entry.

In the following table, the Counts columns list the number of bonds (or angles) for which Mogul statistics could be retrieved, the number of bonds (or angles) that are observed in the model and the number of bonds (or angles) that are defined in the Chemical Component Dictionary. The Link column lists molecule types, if any, to which the group is linked. The Z score for a bond length (or angle) is the number of standard deviations the observed value is removed from the expected value. A bond length (or angle) with $|Z| > 2$ is considered an outlier worth inspection. RMSZ is the root-mean-square of all Z scores of the bond lengths (or angles).

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	$\# Z > 2$	Counts	RMSZ	$\# Z > 2$
2	SO4	A	1002	-	4,4,4	0.33	0	6,6,6	0.13	0
2	SO4	A	1001	-	4,4,4	0.27	0	6,6,6	0.29	0

There are no bond length outliers.

There are no bond angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no torsion outliers.

There are no ring outliers.

No monomer is involved in short contacts.

5.7 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

6 Fit of model and data

6.1 Protein, DNA and RNA chains

EDS was not executed - this section is therefore empty.

6.2 Non-standard residues in protein, DNA, RNA chains

EDS was not executed - this section is therefore empty.

6.3 Carbohydrates

EDS was not executed - this section is therefore empty.

6.4 Ligands

EDS was not executed - this section is therefore empty.

6.5 Other polymers

EDS was not executed - this section is therefore empty.