



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

May 28, 2020 – 11:04 pm BST

PDB ID : 2LCK  
Title : Structure of the mitochondrial uncoupling protein 2 determined by NMR molecular fragment replacement  
Authors : Berardi, M.J.; Chou, J.J.; Membrane Protein Structures by Solution NMR (MPSbyNMR)  
Deposited on : 2011-04-29

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

We welcome your comments at [validation@mail.wwpdb.org](mailto: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:

Cyrange : Kirchner and Güntert (2011)  
NmrClust : Kelley et al. (1996)  
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 : 2.11  
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)  
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)  
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.11

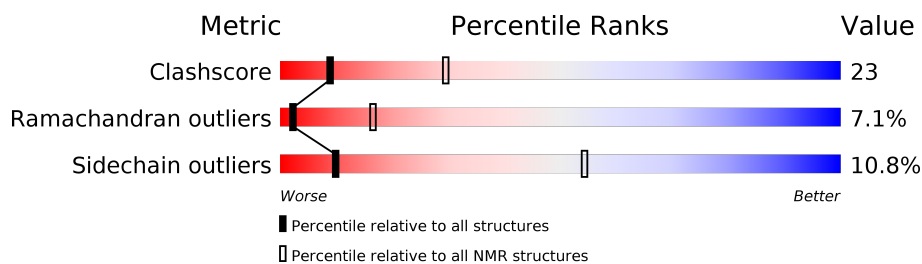
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

*SOLUTION NMR*

The overall completeness of chemical shifts assignment is 34%.

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  $\geq 3$ , 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	303	

## 2 Ensemble composition and analysis i

This entry contains 15 models. Model 12 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *lowest energy*.

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:14-A:152, A:156-A:209, A:213-A:238, A:259-A:309 (270)	0.79	12

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

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

The models can be grouped into 3 clusters and 1 single-model cluster was found.

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

### 3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 4559 atoms, of which 2300 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Mitochondrial uncoupling protein 2.

Mol	Chain	Residues	Atoms					Trace	
			Total	C	H	N	O		S
1	A	297	4559	1432	2300	404	409	14	0

There are 7 discrepancies between the modelled and reference sequences:

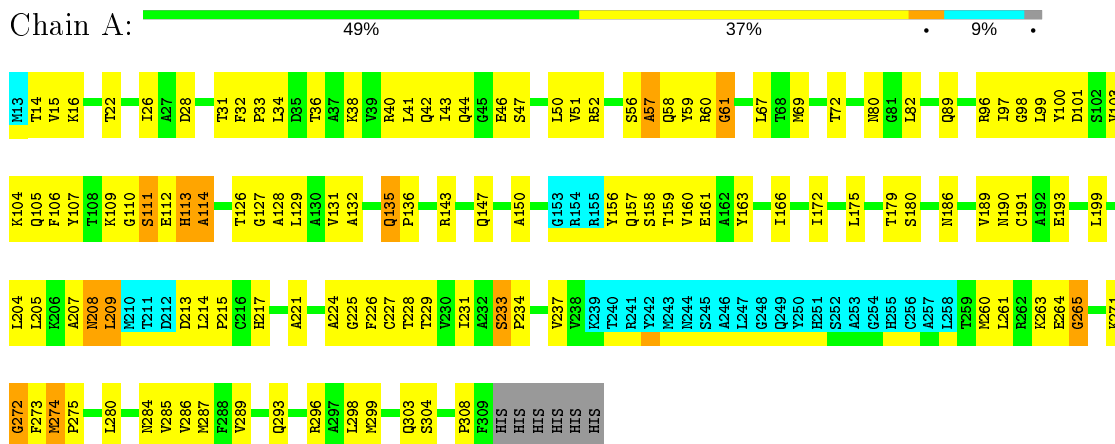
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	13	MET	-	INITIATING METHIONINE	UNP P70406
A	310	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P70406
A	311	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P70406
A	312	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P70406
A	313	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P70406
A	314	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P70406
A	315	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P70406

## 4 Residue-property plots [i](#)

### 4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

These plots are provided for all protein, RNA and DNA 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: Mitochondrial uncoupling protein 2

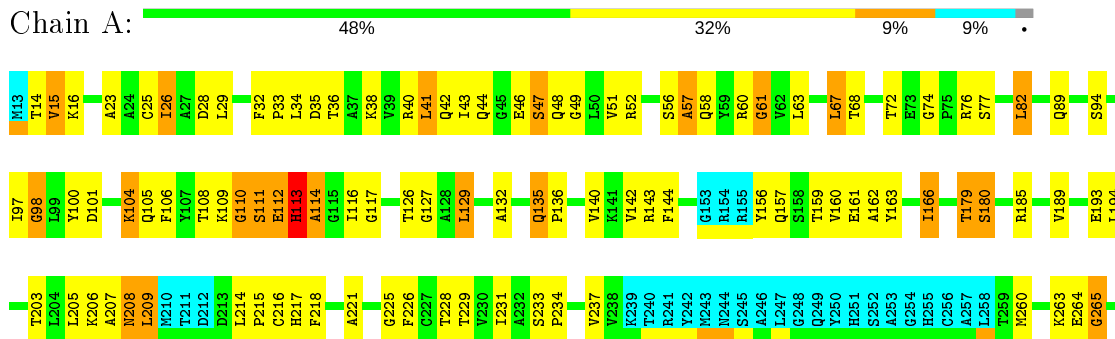


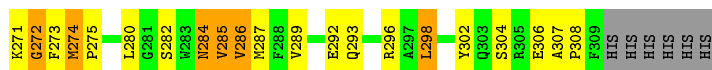
### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

#### 4.2.1 Score per residue for model 1

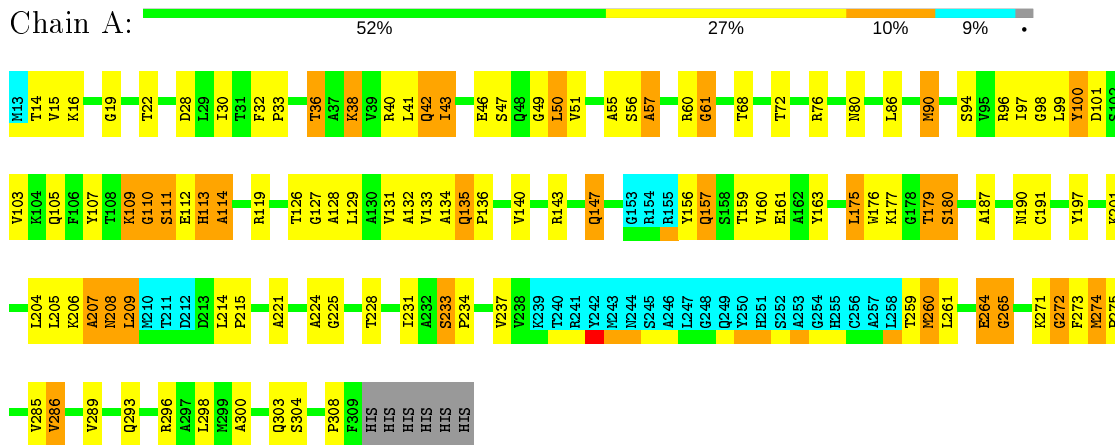
- Molecule 1: Mitochondrial uncoupling protein 2





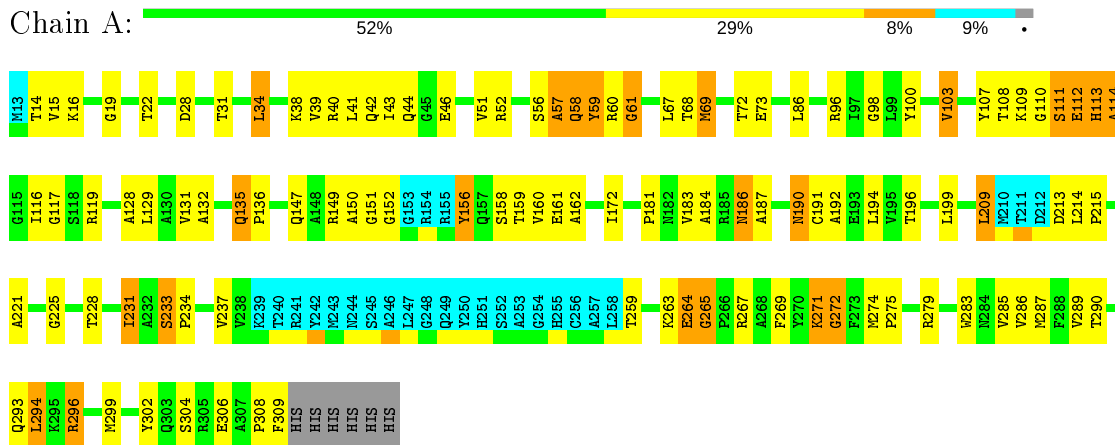
### 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: Mitochondrial uncoupling protein 2



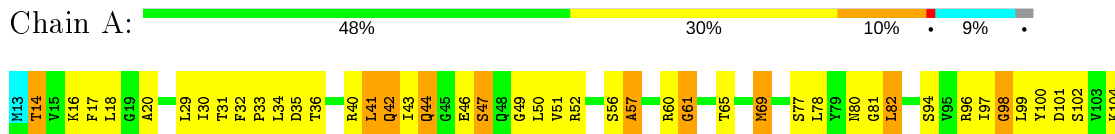
### 4.2.3 Score per residue for model 3

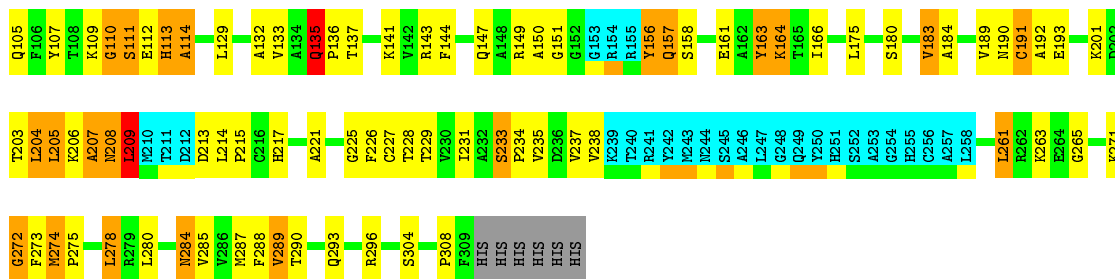
- Molecule 1: Mitochondrial uncoupling protein 2



### 4.2.4 Score per residue for model 4

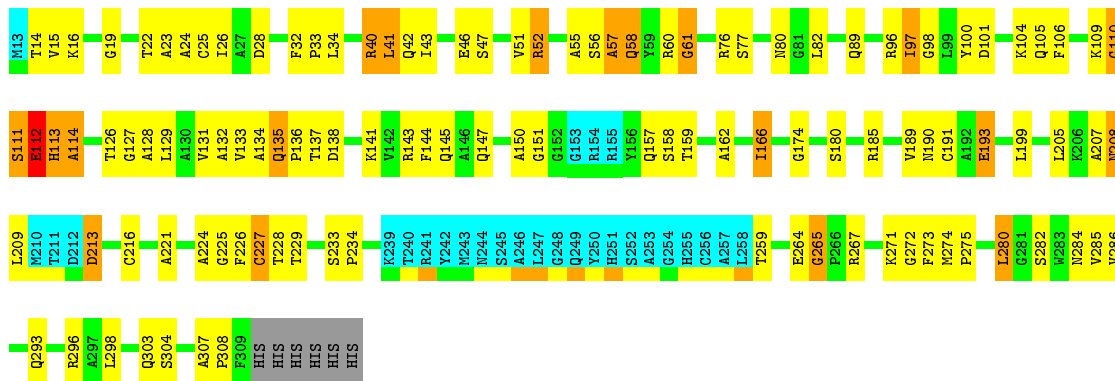
- Molecule 1: Mitochondrial uncoupling protein 2





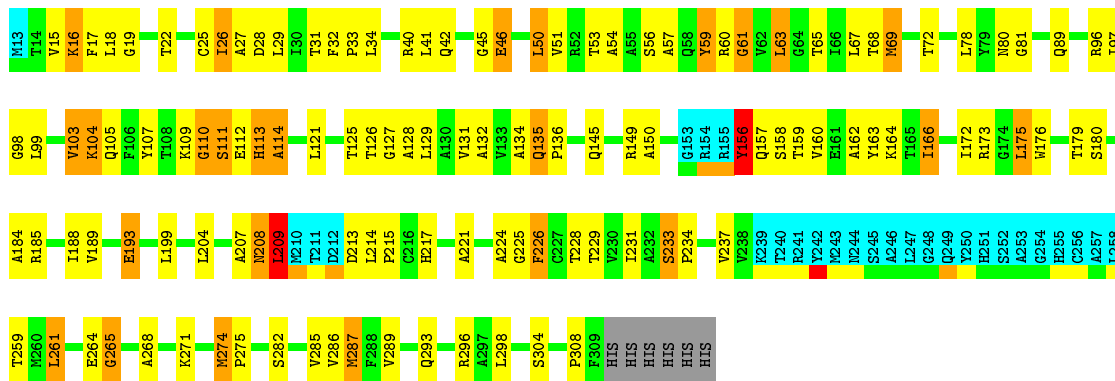
### 4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: Mitochondrial uncoupling protein 2



### 4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: Mitochondrial uncoupling protein 2



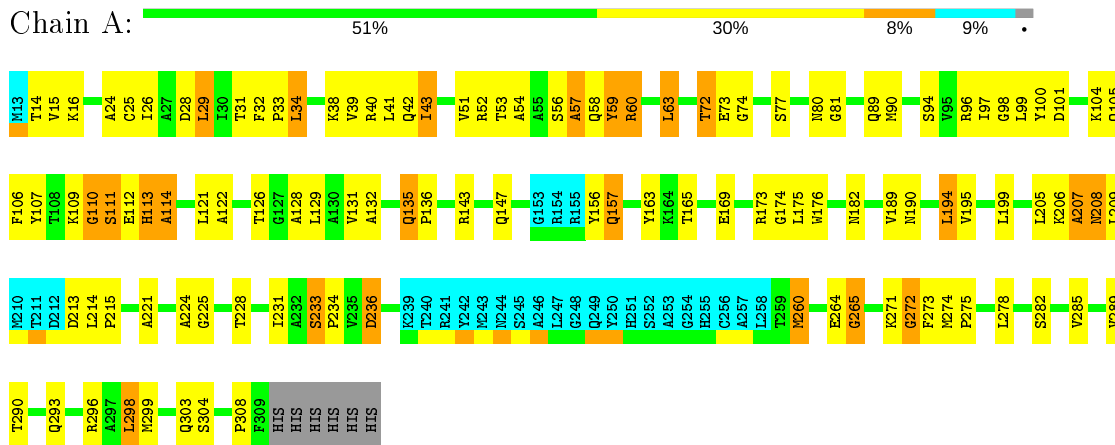






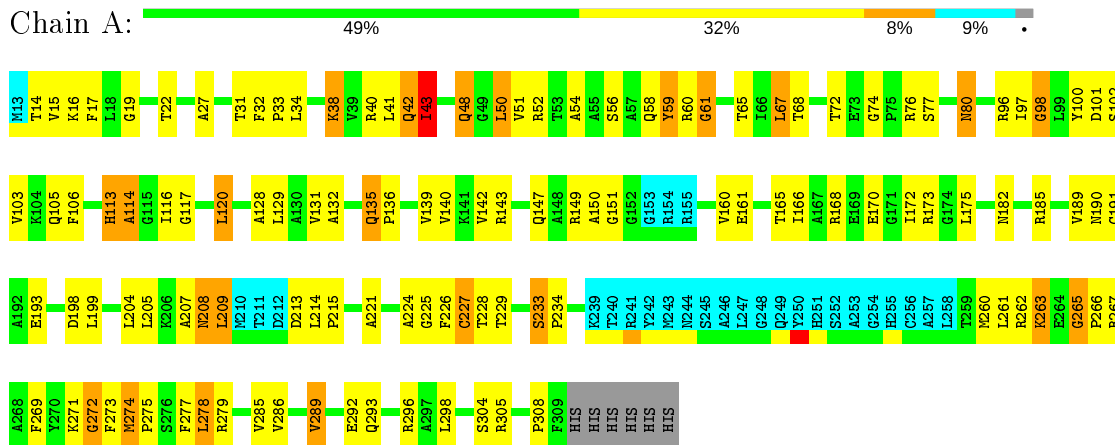
#### 4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: Mitochondrial uncoupling protein 2



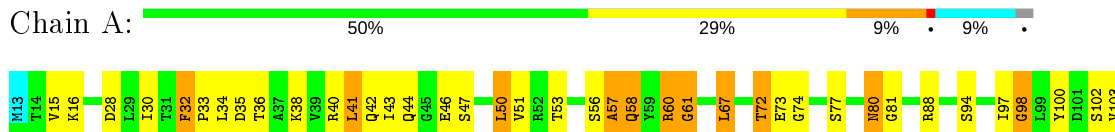
#### 4.2.11 Score per residue for model 11

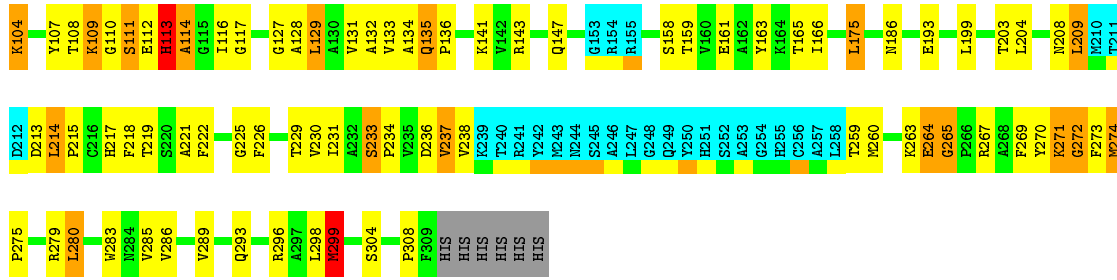
- Molecule 1: Mitochondrial uncoupling protein 2



#### 4.2.12 Score per residue for model 12 (medoid)

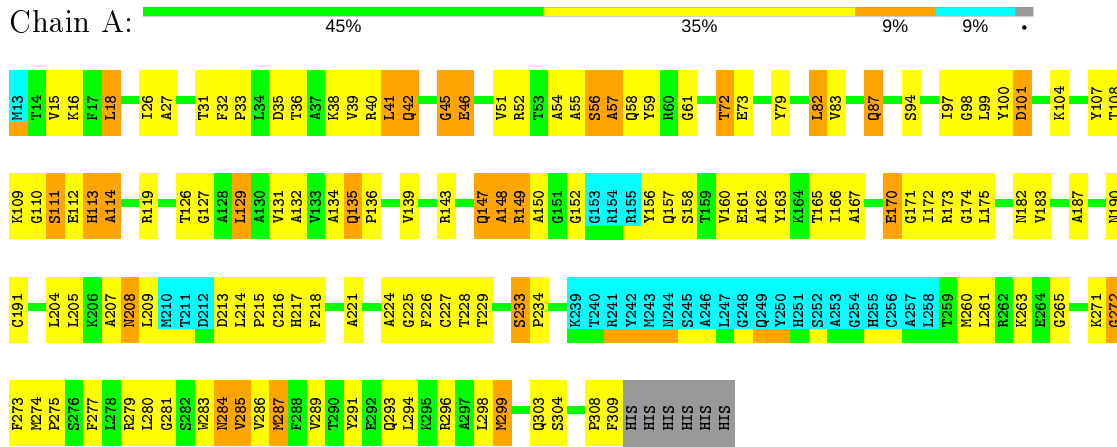
- Molecule 1: Mitochondrial uncoupling protein 2





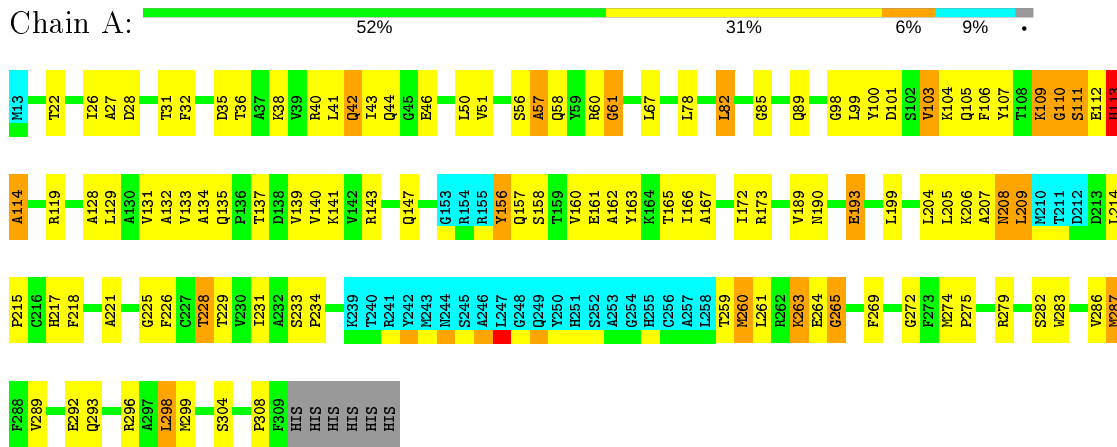
### 4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: Mitochondrial uncoupling protein 2



### 4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: Mitochondrial uncoupling protein 2





## 5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *RDC-based Molecular Fragment Replacement, simulated annealing*.

Of the 30 calculated structures, 15 were deposited, based on the following criterion: *structures with the lowest energy*.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR NIH	structure solution	2.26
X-PLOR NIH	refinement	2.26
In house python script	refinement	

The following table shows chemical shift validation statistics as aggregates over all chemical shift files. Detailed validation can be found in section 7 of this report.

Chemical shift file(s)	input_cs.cif
Number of chemical shift lists	1
Total number of shifts	1180
Number of shifts mapped to atoms	1180
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Assignment completeness (well-defined parts)	34%

No validations of the models with respect to experimental NMR restraints is performed at this time.

## 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	2049	2097	2097	96±9
All	All	30735	31455	31455	1446

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 23.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:101:ASP:OD1	1:A:105:GLN:NE2	1.16	1.78	8	7
1:A:101:ASP:OD2	1:A:105:GLN:NE2	1.16	1.75	14	5
1:A:101:ASP:OD1	1:A:105:GLN:CD	1.09	1.90	8	2
1:A:101:ASP:CG	1:A:105:GLN:NE2	1.02	2.11	8	5
1:A:82:LEU:HD13	1:A:83:VAL:N	0.90	1.81	13	3
1:A:205:LEU:HD22	1:A:205:LEU:O	0.88	1.69	15	1
1:A:208:ASN:ND2	1:A:209:LEU:H	0.82	1.72	7	1
1:A:206:LYS:O	1:A:208:ASN:N	0.82	2.13	14	1
1:A:224:ALA:O	1:A:228:THR:HG23	0.80	1.76	5	7
1:A:34:LEU:HD13	1:A:34:LEU:H	0.80	1.34	10	1
1:A:82:LEU:HD13	1:A:83:VAL:H	0.79	1.37	13	3
1:A:280:LEU:O	1:A:280:LEU:HD12	0.74	1.82	7	1
1:A:34:LEU:HD13	1:A:34:LEU:N	0.73	1.99	10	1
1:A:18:LEU:HD12	1:A:18:LEU:O	0.72	1.83	9	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:101:ASP:OD2	1:A:105:GLN:CD	0.72	2.26	9	4
1:A:298:LEU:HD22	1:A:299:MET:N	0.72	1.99	14	1
1:A:282:SER:O	1:A:285:VAL:HG22	0.70	1.85	9	3
1:A:111:SER:O	1:A:112:GLU:O	0.70	2.09	8	1
1:A:205:LEU:C	1:A:205:LEU:HD13	0.70	2.06	15	1
1:A:82:LEU:C	1:A:82:LEU:HD22	0.70	2.07	13	2
1:A:135:GLN:H	1:A:136:PRO:CD	0.70	2.00	5	8
1:A:82:LEU:HD22	1:A:82:LEU:C	0.69	2.08	9	1
1:A:280:LEU:HD12	1:A:280:LEU:O	0.69	1.86	5	3
1:A:15:VAL:HG22	1:A:16:LYS:H	0.68	1.47	5	5
1:A:286:VAL:O	1:A:289:VAL:HG12	0.67	1.89	7	4
1:A:204:LEU:O	1:A:209:LEU:HD23	0.67	1.90	4	1
1:A:175:LEU:HD23	1:A:175:LEU:O	0.66	1.89	10	1
1:A:209:LEU:HD13	1:A:209:LEU:H	0.66	1.50	3	1
1:A:18:LEU:HD12	1:A:18:LEU:C	0.66	2.11	4	2
1:A:108:THR:C	1:A:110:GLY:H	0.65	1.93	7	3
1:A:129:LEU:O	1:A:132:ALA:HB3	0.65	1.90	8	15
1:A:43:ILE:HG23	1:A:44:GLN:H	0.65	1.52	4	1
1:A:286:VAL:O	1:A:289:VAL:HG22	0.64	1.92	1	3
1:A:15:VAL:HG22	1:A:16:LYS:N	0.64	2.07	5	6
1:A:166:ILE:HD13	1:A:166:ILE:H	0.64	1.52	5	2
1:A:298:LEU:H	1:A:298:LEU:HD12	0.64	1.53	7	3
1:A:108:THR:O	1:A:110:GLY:N	0.64	2.30	13	3
1:A:25:CYS:SG	1:A:26:ILE:N	0.64	2.71	5	3
1:A:166:ILE:H	1:A:166:ILE:HD13	0.64	1.53	6	1
1:A:199:LEU:HD22	1:A:199:LEU:N	0.64	2.08	7	2
1:A:166:ILE:N	1:A:166:ILE:HD13	0.64	2.07	5	2
1:A:30:ILE:N	1:A:30:ILE:HD12	0.64	2.07	2	1
1:A:31:THR:O	1:A:34:LEU:HD21	0.64	1.93	10	1
1:A:79:TYR:O	1:A:82:LEU:HD12	0.63	1.93	9	3
1:A:50:LEU:HD22	1:A:51:VAL:N	0.63	2.09	12	1
1:A:166:ILE:HD13	1:A:166:ILE:N	0.63	2.08	6	1
1:A:172:ILE:HD12	1:A:172:ILE:N	0.63	2.06	3	1
1:A:217:HIS:NE2	1:A:218:PHE:CD2	0.63	2.67	14	2
1:A:43:ILE:N	1:A:43:ILE:HD12	0.63	2.08	7	1
1:A:103:VAL:HG12	1:A:107:TYR:CE2	0.63	2.29	12	1
1:A:112:GLU:O	1:A:113:HIS:CG	0.62	2.53	3	3
1:A:103:VAL:HG22	1:A:107:TYR:CE2	0.62	2.29	6	3
1:A:112:GLU:O	1:A:114:ALA:N	0.62	2.32	7	5
1:A:217:HIS:CE1	1:A:218:PHE:CE2	0.62	2.88	1	1
1:A:107:TYR:CZ	1:A:190:ASN:ND2	0.62	2.67	4	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:147:GLN:NE2	1:A:157:GLN:NE2	0.62	2.47	5	2
1:A:43:ILE:HG23	1:A:44:GLN:N	0.62	2.10	4	1
1:A:199:LEU:N	1:A:199:LEU:HD22	0.62	2.10	11	3
1:A:77:SER:O	1:A:80:ASN:ND2	0.62	2.33	12	3
1:A:88:ARG:NE	1:A:141:LYS:NZ	0.62	2.48	12	1
1:A:50:LEU:HD22	1:A:50:LEU:C	0.61	2.15	12	1
1:A:209:LEU:O	1:A:209:LEU:HD23	0.61	1.95	8	1
1:A:82:LEU:C	1:A:82:LEU:HD12	0.61	2.16	14	2
1:A:144:PHE:CD1	1:A:147:GLN:NE2	0.61	2.68	4	2
1:A:204:LEU:O	1:A:208:ASN:O	0.61	2.18	8	1
1:A:280:LEU:HD12	1:A:280:LEU:C	0.61	2.16	9	3
1:A:56:SER:O	1:A:57:ALA:HB3	0.61	1.96	10	14
1:A:221:ALA:O	1:A:225:GLY:N	0.60	2.34	1	15
1:A:217:HIS:NE2	1:A:218:PHE:CE2	0.60	2.69	1	1
1:A:260:MET:SD	1:A:261:LEU:N	0.60	2.74	14	4
1:A:113:HIS:O	1:A:114:ALA:HB2	0.60	1.97	13	15
1:A:116:ILE:HD12	1:A:116:ILE:N	0.60	2.10	7	1
1:A:201:LYS:O	1:A:205:LEU:HD12	0.60	1.96	15	1
1:A:100:TYR:CD1	1:A:101:ASP:N	0.60	2.70	2	1
1:A:260:MET:O	1:A:264:GLU:N	0.59	2.35	7	2
1:A:158:SER:H	1:A:161:GLU:CG	0.59	2.10	3	4
1:A:199:LEU:H	1:A:199:LEU:HD22	0.59	1.56	7	2
1:A:274:MET:SD	1:A:275:PRO:N	0.59	2.75	1	1
1:A:86:LEU:O	1:A:86:LEU:HD23	0.59	1.97	7	1
1:A:26:ILE:HD12	1:A:27:ALA:N	0.59	2.13	14	2
1:A:191:CYS:SG	1:A:192:ALA:N	0.59	2.75	4	2
1:A:99:LEU:C	1:A:99:LEU:HD12	0.59	2.18	7	1
1:A:274:MET:N	1:A:275:PRO:CD	0.59	2.66	6	13
1:A:135:GLN:N	1:A:136:PRO:CD	0.59	2.66	5	11
1:A:88:ARG:HE	1:A:89:GLN:HE22	0.59	1.41	9	1
1:A:120:LEU:C	1:A:120:LEU:HD12	0.59	2.17	11	1
1:A:54:ALA:O	1:A:55:ALA:HB2	0.58	1.98	15	1
1:A:280:LEU:C	1:A:280:LEU:HD12	0.58	2.17	7	1
1:A:43:ILE:H	1:A:43:ILE:HD13	0.58	1.59	15	1
1:A:40:ARG:NH2	1:A:58:GLN:NE2	0.58	2.51	5	2
1:A:67:LEU:HD12	1:A:67:LEU:C	0.58	2.19	12	1
1:A:209:LEU:H	1:A:209:LEU:CD1	0.58	2.12	3	1
1:A:231:ILE:HD12	1:A:231:ILE:C	0.58	2.19	9	1
1:A:108:THR:HG22	1:A:108:THR:O	0.57	1.99	1	1
1:A:280:LEU:HD23	1:A:280:LEU:O	0.57	1.99	1	2
1:A:94:SER:O	1:A:97:ILE:HG22	0.57	1.99	10	7

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:101:ASP:OD1	1:A:105:GLN:OE1	0.57	2.21	8	1
1:A:231:ILE:O	1:A:234:PRO:HD2	0.57	2.00	1	9
1:A:208:ASN:OD1	1:A:209:LEU:N	0.57	2.37	2	2
1:A:209:LEU:O	1:A:209:LEU:HD22	0.57	1.99	3	1
1:A:147:GLN:NE2	1:A:157:GLN:HE21	0.57	1.98	5	1
1:A:23:ALA:O	1:A:26:ILE:HD13	0.57	1.99	7	2
1:A:42:GLN:O	1:A:44:GLN:N	0.57	2.38	8	1
1:A:207:ALA:O	1:A:208:ASN:CG	0.57	2.43	2	6
1:A:96:ARG:NH2	1:A:100:TYR:CE2	0.57	2.72	8	3
1:A:280:LEU:HD12	1:A:281:GLY:N	0.57	2.14	8	1
1:A:99:LEU:N	1:A:99:LEU:HD22	0.57	2.15	13	2
1:A:217:HIS:CD2	1:A:218:PHE:N	0.57	2.73	1	2
1:A:209:LEU:C	1:A:209:LEU:HD22	0.57	2.20	3	1
1:A:59:TYR:CD2	1:A:59:TYR:O	0.56	2.58	10	1
1:A:107:TYR:CE2	1:A:190:ASN:ND2	0.56	2.73	9	1
1:A:172:ILE:HD13	1:A:172:ILE:H	0.56	1.59	8	2
1:A:67:LEU:O	1:A:67:LEU:HD23	0.56	1.99	14	2
1:A:186:ASN:ND2	1:A:187:ALA:N	0.56	2.53	3	1
1:A:166:ILE:CD1	1:A:166:ILE:H	0.56	2.13	5	1
1:A:106:PHE:CE2	1:A:126:THR:HG21	0.56	2.36	10	1
1:A:38:LYS:NZ	1:A:279:ARG:NH2	0.56	2.53	13	1
1:A:99:LEU:HD12	1:A:99:LEU:N	0.56	2.15	4	4
1:A:34:LEU:HD13	1:A:282:SER:OG	0.56	2.01	5	1
1:A:207:ALA:C	1:A:208:ASN:HD22	0.56	2.04	7	1
1:A:40:ARG:NH2	1:A:58:GLN:HE22	0.55	1.99	5	1
1:A:90:MET:SD	1:A:90:MET:N	0.55	2.79	2	1
1:A:283:TRP:O	1:A:286:VAL:HG22	0.55	2.00	15	5
1:A:207:ALA:O	1:A:208:ASN:ND2	0.55	2.38	7	2
1:A:34:LEU:CD1	1:A:34:LEU:H	0.55	2.08	10	1
1:A:127:GLY:CA	1:A:186:ASN:HD21	0.55	2.14	12	1
1:A:206:LYS:O	1:A:207:ALA:CB	0.55	2.55	10	2
1:A:110:GLY:O	1:A:111:SER:CB	0.55	2.55	14	8
1:A:298:LEU:N	1:A:298:LEU:HD22	0.55	2.16	2	2
1:A:205:LEU:O	1:A:205:LEU:CD2	0.55	2.49	15	1
1:A:217:HIS:CE1	1:A:218:PHE:CD2	0.55	2.95	14	2
1:A:207:ALA:O	1:A:208:ASN:O	0.55	2.24	11	2
1:A:35:ASP:OD1	1:A:36:THR:N	0.55	2.40	9	6
1:A:27:ALA:O	1:A:31:THR:HG23	0.54	2.01	11	3
1:A:101:ASP:O	1:A:105:GLN:HG3	0.54	2.01	11	6
1:A:208:ASN:N	1:A:208:ASN:ND2	0.54	2.55	8	1
1:A:111:SER:OG	1:A:119:ARG:NH2	0.54	2.40	13	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:99:LEU:N	1:A:99:LEU:CD2	0.54	2.71	13	2
1:A:175:LEU:N	1:A:175:LEU:CD1	0.54	2.70	13	1
1:A:147:GLN:HE22	1:A:157:GLN:HE21	0.54	1.43	5	1
1:A:298:LEU:CD1	1:A:298:LEU:N	0.54	2.71	14	1
1:A:166:ILE:H	1:A:166:ILE:CD1	0.54	2.15	1	2
1:A:80:ASN:O	1:A:80:ASN:ND2	0.54	2.41	7	1
1:A:48:GLN:HE21	1:A:50:LEU:N	0.54	2.00	11	1
1:A:50:LEU:HD23	1:A:50:LEU:O	0.54	2.03	14	1
1:A:207:ALA:O	1:A:208:ASN:CB	0.54	2.55	4	9
1:A:113:HIS:O	1:A:113:HIS:CG	0.54	2.60	13	3
1:A:112:GLU:N	1:A:112:GLU:OE1	0.54	2.41	12	1
1:A:143:ARG:NH2	1:A:174:GLY:O	0.54	2.41	8	3
1:A:282:SER:O	1:A:285:VAL:HG12	0.54	2.02	6	1
1:A:208:ASN:ND2	1:A:209:LEU:N	0.54	2.52	7	1
1:A:148:ALA:O	1:A:150:ALA:N	0.54	2.41	13	1
1:A:17:PHE:CE2	1:A:96:ARG:NH1	0.54	2.76	11	1
1:A:34:LEU:HD13	1:A:279:ARG:HH21	0.54	1.63	11	1
1:A:302:TYR:CD2	1:A:306:GLU:OE2	0.53	2.61	3	2
1:A:163:TYR:CE2	1:A:175:LEU:HD13	0.53	2.38	15	1
1:A:56:SER:O	1:A:57:ALA:CB	0.53	2.57	7	14
1:A:189:VAL:O	1:A:193:GLU:N	0.53	2.41	7	7
1:A:162:ALA:O	1:A:166:ILE:HD12	0.53	2.03	5	3
1:A:34:LEU:O	1:A:34:LEU:HD23	0.53	2.04	3	2
1:A:144:PHE:CE1	1:A:147:GLN:NE2	0.53	2.77	7	1
1:A:109:LYS:O	1:A:110:GLY:C	0.53	2.47	4	8
1:A:86:LEU:O	1:A:90:MET:SD	0.53	2.66	2	1
1:A:14:THR:HA	1:A:18:LEU:HD21	0.53	1.79	4	1
1:A:103:VAL:O	1:A:107:TYR:CD2	0.53	2.60	8	3
1:A:48:GLN:NE2	1:A:48:GLN:O	0.53	2.40	11	2
1:A:107:TYR:OH	1:A:190:ASN:ND2	0.53	2.41	4	3
1:A:284:ASN:OD1	1:A:285:VAL:N	0.53	2.42	13	1
1:A:120:LEU:HD21	1:A:194:LEU:HD22	0.53	1.81	8	1
1:A:298:LEU:HD13	1:A:298:LEU:H	0.53	1.62	14	1
1:A:227:CYS:SG	1:A:228:THR:N	0.53	2.82	4	6
1:A:163:TYR:CZ	1:A:175:LEU:HD11	0.53	2.39	12	1
1:A:143:ARG:NH2	1:A:170:GLU:OE1	0.53	2.42	15	1
1:A:50:LEU:HD22	1:A:50:LEU:N	0.53	2.18	15	1
1:A:149:ARG:O	1:A:151:GLY:N	0.53	2.42	11	2
1:A:132:ALA:O	1:A:135:GLN:NE2	0.53	2.41	4	1
1:A:303:GLN:N	1:A:303:GLN:OE1	0.53	2.42	5	1
1:A:40:ARG:NH2	1:A:59:TYR:O	0.53	2.41	6	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:135:GLN:OE1	1:A:182:ASN:ND2	0.53	2.42	11	1
1:A:216:CYS:SG	1:A:217:HIS:N	0.53	2.82	13	3
1:A:40:ARG:O	1:A:42:GLN:N	0.53	2.40	14	15
1:A:80:ASN:ND2	1:A:80:ASN:O	0.53	2.42	11	1
1:A:298:LEU:N	1:A:298:LEU:HD12	0.53	2.19	13	2
1:A:161:GLU:OE2	1:A:162:ALA:N	0.53	2.42	14	2
1:A:298:LEU:N	1:A:298:LEU:CD2	0.53	2.71	11	2
1:A:204:LEU:O	1:A:205:LEU:HD22	0.53	2.04	13	3
1:A:236:ASP:OD2	1:A:283:TRP:CE3	0.53	2.62	9	1
1:A:299:MET:SD	1:A:299:MET:O	0.53	2.67	12	1
1:A:36:THR:O	1:A:40:ARG:NH1	0.53	2.42	13	1
1:A:302:TYR:CD2	1:A:306:GLU:OE1	0.53	2.62	1	1
1:A:302:TYR:CE2	1:A:306:GLU:OE2	0.53	2.62	3	2
1:A:236:ASP:OD2	1:A:283:TRP:CZ2	0.53	2.62	12	1
1:A:185:ARG:HH21	1:A:189:VAL:CG1	0.53	2.15	15	1
1:A:40:ARG:O	1:A:42:GLN:NE2	0.52	2.42	4	1
1:A:101:ASP:OD1	1:A:102:SER:N	0.52	2.42	11	2
1:A:131:VAL:O	1:A:135:GLN:NE2	0.52	2.42	5	1
1:A:190:ASN:OD1	1:A:191:CYS:N	0.52	2.41	11	3
1:A:80:ASN:ND2	1:A:156:TYR:OH	0.52	2.42	6	1
1:A:28:ASP:OD1	1:A:89:GLN:NE2	0.52	2.42	6	1
1:A:169:GLU:N	1:A:169:GLU:OE1	0.52	2.42	9	1
1:A:204:LEU:CD2	1:A:217:HIS:CD2	0.52	2.92	12	1
1:A:217:HIS:O	1:A:217:HIS:CD2	0.52	2.62	12	1
1:A:50:LEU:N	1:A:50:LEU:CD2	0.52	2.72	15	1
1:A:159:THR:HG23	1:A:160:VAL:N	0.52	2.19	1	5
1:A:135:GLN:N	1:A:136:PRO:HD2	0.52	2.19	4	4
1:A:217:HIS:ND1	1:A:217:HIS:O	0.52	2.42	6	1
1:A:99:LEU:HD12	1:A:100:TYR:N	0.52	2.19	7	1
1:A:78:LEU:HD23	1:A:78:LEU:O	0.52	2.04	9	1
1:A:161:GLU:N	1:A:161:GLU:OE1	0.52	2.42	12	1
1:A:100:TYR:O	1:A:104:LYS:CG	0.52	2.57	15	5
1:A:204:LEU:O	1:A:209:LEU:HD22	0.52	2.05	9	1
1:A:40:ARG:NH2	1:A:42:GLN:OE1	0.52	2.43	9	1
1:A:72:THR:CG2	1:A:73:GLU:N	0.52	2.73	12	3
1:A:100:TYR:O	1:A:104:LYS:CD	0.52	2.57	12	1
1:A:147:GLN:NE2	1:A:149:ARG:O	0.52	2.42	13	1
1:A:143:ARG:NH2	1:A:170:GLU:OE2	0.52	2.43	15	1
1:A:143:ARG:NH2	1:A:175:LEU:O	0.52	2.42	11	1
1:A:172:ILE:CD1	1:A:172:ILE:H	0.52	2.17	9	2
1:A:28:ASP:OD1	1:A:88:ARG:NH2	0.52	2.43	9	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:GLN:NE2	1:A:58:GLN:OE1	0.52	2.42	12	1
1:A:201:LYS:O	1:A:205:LEU:O	0.52	2.27	2	2
1:A:28:ASP:O	1:A:32:PHE:N	0.52	2.42	2	4
1:A:119:ARG:HE	1:A:194:LEU:CD2	0.52	2.17	3	1
1:A:134:ALA:O	1:A:135:GLN:CB	0.52	2.57	13	1
1:A:156:TYR:O	1:A:156:TYR:CD2	0.52	2.63	10	2
1:A:298:LEU:H	1:A:298:LEU:CD1	0.52	2.13	7	1
1:A:199:LEU:HD22	1:A:199:LEU:H	0.52	1.64	14	2
1:A:73:GLU:N	1:A:73:GLU:OE1	0.52	2.42	3	1
1:A:193:GLU:N	1:A:193:GLU:OE1	0.52	2.42	5	2
1:A:199:LEU:N	1:A:199:LEU:CD2	0.52	2.73	5	3
1:A:260:MET:O	1:A:264:GLU:O	0.52	2.28	10	4
1:A:131:VAL:HG11	1:A:183:VAL:HG22	0.52	1.82	13	2
1:A:80:ASN:ND2	1:A:80:ASN:C	0.52	2.63	12	1
1:A:82:LEU:HD13	1:A:82:LEU:O	0.51	2.05	4	1
1:A:104:LYS:CB	1:A:104:LYS:NZ	0.51	2.73	6	1
1:A:156:TYR:CE2	1:A:157:GLN:O	0.51	2.63	13	2
1:A:264:GLU:OE2	1:A:265:GLY:N	0.51	2.42	3	1
1:A:137:THR:O	1:A:141:LYS:NZ	0.51	2.43	4	1
1:A:224:ALA:O	1:A:227:CYS:SG	0.51	2.67	15	4
1:A:28:ASP:OD2	1:A:88:ARG:NH2	0.51	2.42	9	1
1:A:172:ILE:HD12	1:A:173:ARG:N	0.51	2.20	14	1
1:A:42:GLN:OE1	1:A:44:GLN:N	0.51	2.43	14	1
1:A:69:MET:O	1:A:72:THR:OG1	0.51	2.28	3	2
1:A:166:ILE:CD1	1:A:166:ILE:N	0.51	2.73	7	1
1:A:67:LEU:O	1:A:67:LEU:HD13	0.51	2.06	9	1
1:A:110:GLY:O	1:A:111:SER:O	0.51	2.28	8	3
1:A:106:PHE:CE2	1:A:122:ALA:HB1	0.51	2.40	10	1
1:A:274:MET:SD	1:A:275:PRO:CD	0.51	2.99	1	1
1:A:160:VAL:HG13	1:A:161:GLU:N	0.51	2.20	15	5
1:A:99:LEU:CD1	1:A:99:LEU:N	0.51	2.74	4	2
1:A:208:ASN:CG	1:A:209:LEU:H	0.51	2.08	13	3
1:A:165:THR:HG23	1:A:166:ILE:N	0.51	2.21	14	4
1:A:213:ASP:OD1	1:A:213:ASP:N	0.51	2.42	13	1
1:A:15:VAL:HG12	1:A:16:LYS:N	0.51	2.21	13	4
1:A:31:THR:O	1:A:31:THR:HG22	0.51	2.06	10	2
1:A:187:ALA:O	1:A:191:CYS:SG	0.51	2.69	13	2
1:A:204:LEU:CD2	1:A:217:HIS:CE1	0.51	2.94	6	2
1:A:199:LEU:CD2	1:A:199:LEU:H	0.51	2.18	10	3
1:A:32:PHE:N	1:A:33:PRO:CD	0.51	2.74	12	8
1:A:172:ILE:CD1	1:A:172:ILE:N	0.51	2.74	3	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:43:ILE:N	1:A:43:ILE:CD1	0.51	2.74	7	1
1:A:80:ASN:HD22	1:A:80:ASN:C	0.51	2.09	12	1
1:A:147:GLN:O	1:A:147:GLN:NE2	0.51	2.44	14	1
1:A:46:GLU:CD	1:A:46:GLU:H	0.51	2.08	3	1
1:A:298:LEU:CD2	1:A:299:MET:N	0.51	2.74	14	1
1:A:77:SER:O	1:A:80:ASN:OD1	0.51	2.29	5	3
1:A:208:ASN:O	1:A:209:LEU:CB	0.50	2.58	6	1
1:A:108:THR:C	1:A:110:GLY:N	0.50	2.64	13	3
1:A:233:SER:O	1:A:237:VAL:HG13	0.50	2.06	15	1
1:A:67:LEU:HD13	1:A:67:LEU:O	0.50	2.06	11	3
1:A:98:GLY:O	1:A:101:ASP:OD1	0.50	2.29	11	3
1:A:50:LEU:HD13	1:A:50:LEU:O	0.50	2.06	6	2
1:A:63:LEU:HD13	1:A:63:LEU:O	0.50	2.06	6	2
1:A:199:LEU:H	1:A:199:LEU:CD2	0.50	2.19	7	1
1:A:46:GLU:O	1:A:48:GLN:N	0.50	2.44	15	2
1:A:28:ASP:OD1	1:A:29:LEU:N	0.50	2.45	1	1
1:A:15:VAL:CG2	1:A:16:LYS:H	0.50	2.19	5	2
1:A:208:ASN:O	1:A:209:LEU:C	0.50	2.49	11	2
1:A:112:GLU:O	1:A:113:HIS:CD2	0.50	2.64	3	1
1:A:190:ASN:ND2	1:A:191:CYS:N	0.50	2.60	3	1
1:A:68:THR:O	1:A:72:THR:HG23	0.50	2.06	3	1
1:A:18:LEU:CD2	1:A:18:LEU:N	0.50	2.74	6	1
1:A:113:HIS:ND1	1:A:113:HIS:O	0.50	2.44	11	1
1:A:156:TYR:CD2	1:A:157:GLN:O	0.50	2.65	15	2
1:A:265:GLY:O	1:A:267:ARG:N	0.50	2.45	11	2
1:A:264:GLU:CD	1:A:264:GLU:H	0.50	2.09	12	1
1:A:299:MET:O	1:A:299:MET:SD	0.50	2.70	13	1
1:A:30:ILE:HG22	1:A:30:ILE:O	0.50	2.07	2	1
1:A:116:ILE:HD12	1:A:119:ARG:HH21	0.50	1.65	3	1
1:A:96:ARG:CG	1:A:96:ARG:O	0.50	2.60	10	3
1:A:113:HIS:CG	1:A:113:HIS:O	0.50	2.63	11	2
1:A:264:GLU:O	1:A:265:GLY:O	0.50	2.30	1	9
1:A:38:LYS:CB	1:A:38:LYS:NZ	0.50	2.74	1	1
1:A:101:ASP:OD1	1:A:101:ASP:N	0.50	2.44	13	2
1:A:59:TYR:O	1:A:59:TYR:CG	0.50	2.64	10	1
1:A:67:LEU:HD12	1:A:67:LEU:O	0.50	2.06	12	1
1:A:274:MET:N	1:A:275:PRO:HD2	0.50	2.22	8	4
1:A:113:HIS:N	1:A:113:HIS:ND1	0.50	2.54	12	1
1:A:58:GLN:N	1:A:58:GLN:CD	0.50	2.65	13	1
1:A:162:ALA:O	1:A:166:ILE:CD1	0.50	2.60	5	3
1:A:293:GLN:O	1:A:296:ARG:O	0.50	2.30	6	15

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:94:SER:O	1:A:97:ILE:CG2	0.50	2.60	4	7
1:A:38:LYS:NZ	1:A:38:LYS:CB	0.50	2.75	11	2
1:A:209:LEU:N	1:A:209:LEU:CD1	0.50	2.75	3	1
1:A:51:VAL:HG23	1:A:52:ARG:N	0.50	2.22	5	3
1:A:217:HIS:O	1:A:217:HIS:ND1	0.50	2.44	4	2
1:A:40:ARG:CZ	1:A:58:GLN:NE2	0.49	2.75	5	1
1:A:103:VAL:HG22	1:A:107:TYR:CZ	0.49	2.42	6	1
1:A:112:GLU:C	1:A:114:ALA:H	0.49	2.10	13	1
1:A:213:ASP:O	1:A:216:CYS:SG	0.49	2.69	13	2
1:A:201:LYS:O	1:A:205:LEU:CD1	0.49	2.60	15	1
1:A:158:SER:N	1:A:161:GLU:OE2	0.49	2.45	4	1
1:A:121:LEU:HD23	1:A:121:LEU:O	0.49	2.07	10	2
1:A:111:SER:O	1:A:112:GLU:CB	0.49	2.57	3	2
1:A:112:GLU:C	1:A:114:ALA:N	0.49	2.65	7	2
1:A:172:ILE:HG23	1:A:173:ARG:N	0.49	2.22	11	3
1:A:172:ILE:O	1:A:176:TRP:CD1	0.49	2.65	9	1
1:A:214:LEU:O	1:A:217:HIS:ND1	0.49	2.45	1	2
1:A:40:ARG:NH1	1:A:44:GLN:HE21	0.49	2.05	1	1
1:A:135:GLN:H	1:A:136:PRO:HD2	0.49	1.67	3	9
1:A:133:VAL:CG1	1:A:134:ALA:N	0.49	2.76	14	5
1:A:69:MET:SD	1:A:69:MET:O	0.49	2.70	6	2
1:A:170:GLU:OE2	1:A:174:GLY:N	0.49	2.42	13	1
1:A:112:GLU:O	1:A:113:HIS:CB	0.49	2.60	5	5
1:A:214:LEU:N	1:A:215:PRO:CD	0.49	2.76	13	11
1:A:308:PRO:O	1:A:309:PHE:CG	0.49	2.65	3	2
1:A:213:ASP:OD1	1:A:216:CYS:SG	0.49	2.71	5	1
1:A:23:ALA:HB2	1:A:293:GLN:NE2	0.49	2.23	5	1
1:A:172:ILE:HD13	1:A:172:ILE:N	0.49	2.23	9	2
1:A:48:GLN:NE2	1:A:48:GLN:C	0.49	2.66	11	1
1:A:38:LYS:NZ	1:A:279:ARG:HH22	0.49	2.04	13	1
1:A:161:GLU:CD	1:A:162:ALA:N	0.49	2.66	3	3
1:A:186:ASN:ND2	1:A:186:ASN:C	0.49	2.65	3	2
1:A:163:TYR:CZ	1:A:175:LEU:HD23	0.49	2.43	13	2
1:A:107:TYR:O	1:A:119:ARG:NH2	0.49	2.46	13	1
1:A:308:PRO:O	1:A:309:PHE:C	0.49	2.50	13	1
1:A:112:GLU:C	1:A:113:HIS:CG	0.49	2.85	5	3
1:A:184:ALA:O	1:A:188:ILE:HD13	0.49	2.08	6	1
1:A:194:LEU:O	1:A:194:LEU:HD13	0.49	2.08	10	1
1:A:233:SER:N	1:A:234:PRO:CD	0.49	2.76	9	12
1:A:160:VAL:HG23	1:A:161:GLU:N	0.49	2.23	11	3
1:A:40:ARG:NH2	1:A:65:THR:OG1	0.49	2.46	6	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:103:VAL:O	1:A:107:TYR:CE2	0.49	2.66	8	1
1:A:63:LEU:N	1:A:63:LEU:CD2	0.49	2.76	9	1
1:A:144:PHE:CD2	1:A:147:GLN:OE1	0.49	2.66	15	1
1:A:163:TYR:CE2	1:A:175:LEU:HD11	0.49	2.43	6	1
1:A:208:ASN:N	1:A:208:ASN:HD22	0.49	2.03	8	1
1:A:170:GLU:N	1:A:170:GLU:CD	0.49	2.66	11	1
1:A:298:LEU:HD22	1:A:298:LEU:C	0.49	2.28	14	1
1:A:51:VAL:HG13	1:A:52:ARG:N	0.49	2.23	11	6
1:A:303:GLN:OE1	1:A:303:GLN:N	0.48	2.45	7	1
1:A:209:LEU:C	1:A:209:LEU:HD23	0.48	2.28	13	2
1:A:113:HIS:O	1:A:114:ALA:CB	0.48	2.61	5	15
1:A:28:ASP:CG	1:A:89:GLN:NE2	0.48	2.67	5	2
1:A:176:TRP:CG	1:A:179:THR:OG1	0.48	2.66	6	1
1:A:106:PHE:O	1:A:109:LYS:NZ	0.48	2.46	7	1
1:A:100:TYR:CZ	1:A:104:LYS:NZ	0.48	2.80	13	1
1:A:209:LEU:HG	1:A:209:LEU:O	0.48	2.08	14	1
1:A:201:LYS:O	1:A:205:LEU:CG	0.48	2.61	15	1
1:A:116:ILE:HD12	1:A:116:ILE:H	0.48	1.67	7	1
1:A:207:ALA:C	1:A:208:ASN:ND2	0.48	2.67	7	2
1:A:50:LEU:O	1:A:50:LEU:HD13	0.48	2.09	8	2
1:A:209:LEU:O	1:A:209:LEU:CG	0.48	2.61	14	1
1:A:43:ILE:HG22	1:A:43:ILE:O	0.48	2.09	1	1
1:A:298:LEU:CD1	1:A:298:LEU:H	0.48	2.21	14	3
1:A:15:VAL:CG2	1:A:16:LYS:N	0.48	2.76	1	6
1:A:99:LEU:N	1:A:99:LEU:CD1	0.48	2.77	2	2
1:A:100:TYR:O	1:A:104:LYS:CE	0.48	2.61	7	1
1:A:222:PHE:CZ	1:A:226:PHE:CE1	0.48	3.02	12	1
1:A:18:LEU:HD13	1:A:18:LEU:O	0.48	2.09	13	1
1:A:190:ASN:C	1:A:190:ASN:ND2	0.48	2.66	3	1
1:A:175:LEU:HD12	1:A:175:LEU:N	0.48	2.23	13	1
1:A:129:LEU:O	1:A:129:LEU:HD13	0.48	2.09	12	4
1:A:193:GLU:CA	1:A:193:GLU:OE1	0.48	2.62	5	2
1:A:166:ILE:N	1:A:166:ILE:HD12	0.48	2.23	7	1
1:A:100:TYR:O	1:A:104:LYS:HB2	0.48	2.09	1	4
1:A:163:TYR:C	1:A:163:TYR:CD1	0.48	2.85	7	4
1:A:271:LYS:O	1:A:272:GLY:O	0.48	2.31	12	10
1:A:100:TYR:CG	1:A:101:ASP:N	0.48	2.81	2	1
1:A:135:GLN:NE2	1:A:135:GLN:N	0.48	2.62	4	1
1:A:147:GLN:NE2	1:A:157:GLN:HE22	0.48	2.07	10	1
1:A:149:ARG:O	1:A:150:ALA:HB3	0.48	2.09	6	1
1:A:18:LEU:HD22	1:A:18:LEU:N	0.48	2.24	6	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:107:TYR:CZ	1:A:190:ASN:CG	0.48	2.87	9	1
1:A:59:TYR:O	1:A:60:ARG:O	0.48	2.32	10	1
1:A:42:GLN:CG	1:A:43:ILE:N	0.48	2.76	15	1
1:A:133:VAL:C	1:A:135:GLN:HE22	0.48	2.12	4	1
1:A:42:GLN:HE22	1:A:44:GLN:CA	0.48	2.22	14	1
1:A:50:LEU:O	1:A:50:LEU:HD23	0.47	2.09	4	1
1:A:166:ILE:N	1:A:166:ILE:CD1	0.47	2.76	6	3
1:A:97:ILE:O	1:A:97:ILE:HD13	0.47	2.09	5	3
1:A:44:GLN:O	1:A:51:VAL:CG2	0.47	2.62	12	1
1:A:170:GLU:C	1:A:170:GLU:CD	0.47	2.73	13	1
1:A:208:ASN:O	1:A:209:LEU:O	0.47	2.32	1	2
1:A:306:GLU:CD	1:A:307:ALA:N	0.47	2.67	9	1
1:A:88:ARG:NE	1:A:89:GLN:HE22	0.47	2.07	9	1
1:A:284:ASN:C	1:A:284:ASN:ND2	0.47	2.68	1	1
1:A:78:LEU:HD12	1:A:78:LEU:N	0.47	2.25	8	3
1:A:217:HIS:C	1:A:217:HIS:CD2	0.47	2.87	14	2
1:A:14:THR:O	1:A:298:LEU:HD13	0.47	2.09	5	1
1:A:54:ALA:O	1:A:55:ALA:CB	0.47	2.63	15	1
1:A:109:LYS:O	1:A:111:SER:N	0.47	2.42	3	2
1:A:271:LYS:CG	1:A:272:GLY:N	0.47	2.77	4	1
1:A:170:GLU:OE2	1:A:171:GLY:O	0.47	2.33	13	1
1:A:30:ILE:N	1:A:30:ILE:CD1	0.47	2.76	2	1
1:A:199:LEU:N	1:A:199:LEU:HD12	0.47	2.25	3	1
1:A:110:GLY:O	1:A:111:SER:OG	0.47	2.33	10	3
1:A:40:ARG:CZ	1:A:65:THR:OG1	0.47	2.62	6	1
1:A:116:ILE:CD1	1:A:116:ILE:N	0.47	2.77	7	1
1:A:43:ILE:O	1:A:43:ILE:HG23	0.47	2.10	10	1
1:A:58:GLN:O	1:A:60:ARG:N	0.47	2.47	10	1
1:A:107:TYR:CZ	1:A:190:ASN:OD1	0.47	2.68	2	2
1:A:199:LEU:CD2	1:A:199:LEU:N	0.47	2.77	6	3
1:A:34:LEU:CD1	1:A:282:SER:OG	0.47	2.63	1	1
1:A:68:THR:O	1:A:72:THR:OG1	0.47	2.32	1	4
1:A:175:LEU:O	1:A:175:LEU:HD13	0.47	2.09	2	1
1:A:147:GLN:O	1:A:147:GLN:CG	0.47	2.63	3	5
1:A:172:ILE:CG2	1:A:173:ARG:N	0.47	2.78	11	2
1:A:82:LEU:C	1:A:82:LEU:CD2	0.47	2.80	13	1
1:A:100:TYR:O	1:A:104:LYS:CB	0.47	2.63	8	2
1:A:128:ALA:O	1:A:131:VAL:HG22	0.47	2.09	9	3
1:A:76:ARG:O	1:A:80:ASN:OD1	0.47	2.32	5	2
1:A:73:GLU:CD	1:A:73:GLU:H	0.47	2.13	7	1
1:A:147:GLN:HE21	1:A:157:GLN:HE22	0.47	1.52	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:28:ASP:CG	1:A:89:GLN:HE22	0.47	2.13	10	1
1:A:189:VAL:HG23	1:A:190:ASN:N	0.47	2.25	15	2
1:A:260:MET:C	1:A:260:MET:SD	0.46	2.94	1	4
1:A:175:LEU:CD1	1:A:175:LEU:N	0.46	2.77	9	1
1:A:208:ASN:N	1:A:208:ASN:OD1	0.46	2.47	14	2
1:A:112:GLU:N	1:A:112:GLU:CD	0.46	2.69	12	1
1:A:277:PHE:O	1:A:280:LEU:CD1	0.46	2.63	13	1
1:A:179:THR:CG2	1:A:180:SER:N	0.46	2.78	1	3
1:A:209:LEU:O	1:A:209:LEU:CD2	0.46	2.63	8	1
1:A:274:MET:O	1:A:278:LEU:HD13	0.46	2.09	10	1
1:A:262:ARG:O	1:A:263:LYS:O	0.46	2.33	11	2
1:A:119:ARG:HE	1:A:194:LEU:HD22	0.46	1.70	3	1
1:A:46:GLU:N	1:A:46:GLU:CD	0.46	2.69	3	1
1:A:43:ILE:CG2	1:A:44:GLN:N	0.46	2.78	4	1
1:A:160:VAL:CG1	1:A:161:GLU:N	0.46	2.78	7	3
1:A:287:MET:SD	1:A:291:TYR:CE1	0.46	3.09	13	1
1:A:58:GLN:C	1:A:59:TYR:CD1	0.46	2.89	13	1
1:A:204:LEU:HD12	1:A:209:LEU:CD1	0.46	2.40	8	1
1:A:82:LEU:O	1:A:82:LEU:HD12	0.46	2.11	1	2
1:A:112:GLU:O	1:A:113:HIS:C	0.46	2.54	4	4
1:A:131:VAL:O	1:A:134:ALA:O	0.46	2.33	6	3
1:A:287:MET:SD	1:A:287:MET:C	0.46	2.93	6	2
1:A:236:ASP:OD2	1:A:283:TRP:CD2	0.46	2.68	9	1
1:A:28:ASP:CB	1:A:89:GLN:OE1	0.46	2.64	15	1
1:A:147:GLN:O	1:A:147:GLN:OE1	0.46	2.33	13	1
1:A:69:MET:C	1:A:69:MET:SD	0.46	2.94	4	1
1:A:160:VAL:CG2	1:A:161:GLU:N	0.46	2.79	8	1
1:A:185:ARG:NH2	1:A:189:VAL:CG1	0.46	2.78	15	1
1:A:140:VAL:O	1:A:144:PHE:N	0.46	2.48	1	2
1:A:214:LEU:N	1:A:215:PRO:HD2	0.46	2.26	1	2
1:A:47:SER:C	1:A:49:GLY:H	0.46	2.14	1	3
1:A:260:MET:O	1:A:263:LYS:O	0.46	2.34	9	3
1:A:143:ARG:HH21	1:A:166:ILE:CG2	0.46	2.24	4	1
1:A:104:LYS:CB	1:A:104:LYS:HZ3	0.46	2.24	6	1
1:A:176:TRP:CD1	1:A:176:TRP:O	0.46	2.69	6	1
1:A:199:LEU:O	1:A:203:THR:OG1	0.46	2.33	7	1
1:A:38:LYS:CB	1:A:279:ARG:NH2	0.46	2.79	12	1
1:A:287:MET:SD	1:A:291:TYR:CD1	0.46	3.09	13	1
1:A:116:ILE:HG23	1:A:117:GLY:N	0.45	2.26	12	4
1:A:278:LEU:O	1:A:278:LEU:HD13	0.45	2.11	4	1
1:A:231:ILE:N	1:A:231:ILE:CD1	0.45	2.79	6	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:35:ASP:HA	1:A:38:LYS:HZ3	0.45	1.70	14	1
1:A:142:VAL:CG1	1:A:143:ARG:N	0.45	2.79	1	2
1:A:304:SER:O	1:A:308:PRO:CD	0.45	2.65	13	15
1:A:225:GLY:O	1:A:228:THR:OG1	0.45	2.33	9	4
1:A:265:GLY:C	1:A:267:ARG:H	0.45	2.15	11	4
1:A:43:ILE:C	1:A:44:GLN:NE2	0.45	2.69	8	1
1:A:40:ARG:NH1	1:A:58:GLN:NE2	0.45	2.64	11	1
1:A:58:GLN:O	1:A:59:TYR:CG	0.45	2.69	13	1
1:A:287:MET:C	1:A:287:MET:SD	0.45	2.95	15	2
1:A:127:GLY:C	1:A:186:ASN:HD21	0.45	2.15	15	1
1:A:176:TRP:CD2	1:A:179:THR:OG1	0.45	2.66	6	1
1:A:34:LEU:N	1:A:34:LEU:HD22	0.45	2.26	10	1
1:A:127:GLY:CA	1:A:186:ASN:ND2	0.45	2.79	12	1
1:A:126:THR:HG23	1:A:127:GLY:N	0.45	2.27	6	7
1:A:176:TRP:CE2	1:A:180:SER:OG	0.45	2.62	2	1
1:A:183:VAL:O	1:A:186:ASN:OD1	0.45	2.34	8	2
1:A:163:TYR:CG	1:A:164:LYS:N	0.45	2.84	4	1
1:A:233:SER:O	1:A:236:ASP:OD2	0.45	2.35	8	1
1:A:143:ARG:HH21	1:A:170:GLU:CD	0.45	2.15	15	1
1:A:302:TYR:CE2	1:A:306:GLU:OE1	0.45	2.69	1	1
1:A:226:PHE:O	1:A:229:THR:OG1	0.45	2.35	4	7
1:A:161:GLU:OE2	1:A:165:THR:OG1	0.45	2.35	9	1
1:A:278:LEU:HD13	1:A:278:LEU:O	0.45	2.11	11	1
1:A:111:SER:O	1:A:112:GLU:HB2	0.45	2.11	1	1
1:A:205:LEU:HD13	1:A:208:ASN:OD1	0.45	2.12	11	1
1:A:156:TYR:O	1:A:157:GLN:O	0.45	2.34	4	4
1:A:116:ILE:HD12	1:A:119:ARG:NH2	0.45	2.26	3	1
1:A:261:LEU:O	1:A:261:LEU:HD13	0.45	2.12	6	1
1:A:125:THR:HG23	1:A:126:THR:N	0.45	2.26	6	1
1:A:120:LEU:HD23	1:A:120:LEU:O	0.45	2.12	7	1
1:A:38:LYS:CG	1:A:39:VAL:N	0.45	2.80	3	4
1:A:280:LEU:CD1	1:A:284:ASN:OD1	0.45	2.65	5	1
1:A:69:MET:SD	1:A:69:MET:C	0.45	2.95	6	2
1:A:116:ILE:CD1	1:A:116:ILE:H	0.45	2.24	7	1
1:A:90:MET:C	1:A:90:MET:SD	0.45	2.95	7	1
1:A:299:MET:C	1:A:299:MET:SD	0.45	2.95	13	1
1:A:63:LEU:N	1:A:63:LEU:HD22	0.45	2.26	9	2
1:A:58:GLN:O	1:A:59:TYR:O	0.45	2.35	3	2
1:A:56:SER:OG	1:A:57:ALA:N	0.45	2.49	10	2
1:A:135:GLN:HE22	1:A:182:ASN:CG	0.45	2.15	10	1
1:A:96:ARG:O	1:A:100:TYR:CD1	0.44	2.70	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:188:ILE:O	1:A:191:CYS:SG	0.44	2.69	8	1
1:A:31:THR:HA	1:A:34:LEU:HD11	0.44	1.89	10	1
1:A:99:LEU:O	1:A:103:VAL:CG2	0.44	2.65	14	1
1:A:294:LEU:O	1:A:294:LEU:HD13	0.44	2.12	3	1
1:A:46:GLU:O	1:A:47:SER:CB	0.44	2.64	4	1
1:A:24:ALA:O	1:A:28:ASP:OD2	0.44	2.36	5	1
1:A:233:SER:N	1:A:234:PRO:HD2	0.44	2.27	14	2
1:A:157:GLN:NE2	1:A:157:GLN:H	0.44	2.10	6	1
1:A:78:LEU:CD1	1:A:78:LEU:N	0.44	2.80	6	2
1:A:142:VAL:CG2	1:A:143:ARG:N	0.44	2.80	8	1
1:A:47:SER:C	1:A:49:GLY:N	0.44	2.70	1	1
1:A:137:THR:HG23	1:A:138:ASP:N	0.44	2.26	5	2
1:A:32:PHE:N	1:A:33:PRO:HD2	0.44	2.27	15	4
1:A:280:LEU:CD1	1:A:280:LEU:C	0.44	2.84	9	2
1:A:147:GLN:CG	1:A:147:GLN:O	0.44	2.65	15	1
1:A:113:HIS:CD2	1:A:113:HIS:N	0.44	2.85	1	1
1:A:32:PHE:O	1:A:35:ASP:OD1	0.44	2.36	9	3
1:A:126:THR:CG2	1:A:127:GLY:N	0.44	2.80	13	7
1:A:116:ILE:CG2	1:A:117:GLY:N	0.44	2.80	12	2
1:A:16:LYS:CD	1:A:16:LYS:N	0.44	2.80	13	2
1:A:158:SER:OG	1:A:159:THR:N	0.44	2.50	5	4
1:A:268:ALA:O	1:A:271:LYS:O	0.44	2.34	6	1
1:A:233:SER:O	1:A:236:ASP:CG	0.44	2.56	10	1
1:A:165:THR:CG2	1:A:166:ILE:N	0.44	2.80	11	4
1:A:60:ARG:O	1:A:61:GLY:C	0.44	2.56	12	10
1:A:128:ALA:O	1:A:131:VAL:HG12	0.44	2.13	2	2
1:A:133:VAL:HG13	1:A:134:ALA:N	0.44	2.26	5	5
1:A:19:GLY:O	1:A:22:THR:OG1	0.44	2.35	5	7
1:A:101:ASP:N	1:A:101:ASP:OD1	0.44	2.51	4	1
1:A:43:ILE:CG2	1:A:44:GLN:H	0.44	2.23	4	1
1:A:141:LYS:O	1:A:145:GLN:OE1	0.44	2.36	5	1
1:A:157:GLN:N	1:A:157:GLN:CD	0.44	2.70	6	1
1:A:120:LEU:O	1:A:120:LEU:HD12	0.44	2.12	11	1
1:A:109:LYS:CB	1:A:109:LYS:NZ	0.44	2.81	14	1
1:A:208:ASN:OD1	1:A:208:ASN:O	0.44	2.36	1	1
1:A:80:ASN:C	1:A:80:ASN:OD1	0.44	2.56	4	1
1:A:58:GLN:O	1:A:58:GLN:CG	0.44	2.65	8	1
1:A:231:ILE:O	1:A:231:ILE:HD12	0.44	2.12	9	1
1:A:231:ILE:CD1	1:A:231:ILE:N	0.44	2.81	1	1
1:A:195:VAL:O	1:A:199:LEU:CD2	0.44	2.65	10	2
1:A:103:VAL:HG12	1:A:107:TYR:CZ	0.44	2.48	12	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:30:ILE:O	1:A:34:LEU:HD13	0.44	2.12	12	1
1:A:213:ASP:CG	1:A:216:CYS:SG	0.44	2.95	13	1
1:A:82:LEU:O	1:A:82:LEU:HD22	0.44	2.13	13	1
1:A:274:MET:SD	1:A:274:MET:C	0.44	2.97	1	1
1:A:159:THR:CG2	1:A:160:VAL:N	0.44	2.80	6	3
1:A:237:VAL:CG1	1:A:238:VAL:N	0.44	2.81	4	2
1:A:261:LEU:HD13	1:A:261:LEU:O	0.44	2.13	4	1
1:A:16:LYS:NZ	1:A:16:LYS:CB	0.44	2.81	6	1
1:A:141:LYS:NZ	1:A:141:LYS:CB	0.44	2.80	9	1
1:A:298:LEU:HD13	1:A:298:LEU:N	0.44	2.26	14	1
1:A:135:GLN:CD	1:A:135:GLN:N	0.44	2.72	4	1
1:A:203:THR:HG22	1:A:204:LEU:HD23	0.44	1.89	8	1
1:A:281:GLY:O	1:A:284:ASN:OD1	0.44	2.36	13	2
1:A:185:ARG:HH12	1:A:235:VAL:CG1	0.44	2.25	9	1
1:A:156:TYR:CG	1:A:156:TYR:O	0.43	2.71	4	1
1:A:289:VAL:O	1:A:293:GLN:OE1	0.43	2.36	4	1
1:A:127:GLY:O	1:A:186:ASN:OD1	0.43	2.36	7	1
1:A:298:LEU:O	1:A:299:MET:CB	0.43	2.66	12	1
1:A:158:SER:N	1:A:161:GLU:CD	0.43	2.71	4	1
1:A:163:TYR:CD1	1:A:163:TYR:C	0.43	2.91	6	3
1:A:25:CYS:SG	1:A:26:ILE:HG23	0.43	2.53	10	1
1:A:289:VAL:O	1:A:292:GLU:CG	0.43	2.67	11	1
1:A:201:LYS:O	1:A:205:LEU:HG	0.43	2.13	15	1
1:A:40:ARG:HH22	1:A:58:GLN:HE22	0.43	1.56	5	1
1:A:76:ARG:O	1:A:80:ASN:ND2	0.43	2.51	8	1
1:A:209:LEU:CD1	1:A:209:LEU:O	0.43	2.66	9	1
1:A:204:LEU:HD21	1:A:217:HIS:CD2	0.43	2.47	12	1
1:A:259:THR:CG2	1:A:260:MET:N	0.43	2.80	12	1
1:A:80:ASN:O	1:A:80:ASN:CG	0.43	2.56	15	1
1:A:51:VAL:O	1:A:54:ALA:O	0.43	2.36	6	3
1:A:213:ASP:O	1:A:213:ASP:OD1	0.43	2.36	8	1
1:A:303:GLN:O	1:A:306:GLU:OE2	0.43	2.35	9	1
1:A:109:LYS:O	1:A:111:SER:OG	0.43	2.36	5	1
1:A:99:LEU:CD1	1:A:99:LEU:C	0.43	2.87	7	1
1:A:43:ILE:HG23	1:A:43:ILE:O	0.43	2.13	8	1
1:A:127:GLY:C	1:A:186:ASN:ND2	0.43	2.72	12	1
1:A:87:GLN:O	1:A:87:GLN:OE1	0.43	2.37	13	1
1:A:204:LEU:HD22	1:A:209:LEU:CD1	0.43	2.44	14	1
1:A:42:GLN:HE22	1:A:44:GLN:C	0.43	2.17	14	1
1:A:78:LEU:N	1:A:78:LEU:CD1	0.43	2.81	14	1
1:A:119:ARG:HH12	1:A:201:LYS:NZ	0.43	2.10	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:ARG:C	1:A:42:GLN:H	0.43	2.17	2	4
1:A:264:GLU:OE1	1:A:265:GLY:O	0.43	2.37	3	1
1:A:175:LEU:N	1:A:175:LEU:HD12	0.43	2.27	9	1
1:A:143:ARG:NH1	1:A:175:LEU:CD1	0.43	2.82	4	1
1:A:175:LEU:CD2	1:A:175:LEU:N	0.43	2.82	11	1
1:A:161:GLU:CD	1:A:161:GLU:N	0.43	2.72	12	1
1:A:302:TYR:CE2	1:A:306:GLU:CD	0.43	2.92	1	1
1:A:107:TYR:OH	1:A:190:ASN:OD1	0.43	2.37	2	1
1:A:300:ALA:CB	1:A:303:GLN:OE1	0.43	2.67	2	1
1:A:158:SER:CB	1:A:161:GLU:OE2	0.43	2.66	4	1
1:A:270:TYR:O	1:A:271:LYS:O	0.43	2.36	12	1
1:A:32:PHE:O	1:A:35:ASP:OD2	0.43	2.35	12	2
1:A:299:MET:SD	1:A:299:MET:N	0.43	2.92	13	1
1:A:18:LEU:C	1:A:18:LEU:CD1	0.43	2.83	9	2
1:A:298:LEU:HD23	1:A:304:SER:OG	0.43	2.14	6	1
1:A:45:GLY:O	1:A:46:GLU:O	0.43	2.36	13	2
1:A:109:LYS:CD	1:A:119:ARG:HH22	0.43	2.27	14	1
1:A:85:GLY:O	1:A:89:GLN:OE1	0.43	2.37	14	1
1:A:209:LEU:HD13	1:A:209:LEU:N	0.43	2.22	3	1
1:A:203:THR:O	1:A:203:THR:HG23	0.43	2.13	4	1
1:A:128:ALA:O	1:A:131:VAL:CG2	0.43	2.67	11	4
1:A:263:LYS:O	1:A:265:GLY:N	0.43	2.51	8	1
1:A:156:TYR:O	1:A:156:TYR:CG	0.43	2.72	10	1
1:A:50:LEU:CD2	1:A:50:LEU:C	0.43	2.87	12	1
1:A:135:GLN:OE1	1:A:182:ASN:CB	0.43	2.67	13	1
1:A:298:LEU:N	1:A:298:LEU:CD1	0.43	2.82	13	1
1:A:42:GLN:O	1:A:43:ILE:O	0.42	2.36	2	1
1:A:76:ARG:O	1:A:80:ASN:CB	0.42	2.67	2	2
1:A:298:LEU:HD12	1:A:298:LEU:C	0.42	2.35	10	1
1:A:43:ILE:H	1:A:43:ILE:CD1	0.42	2.22	15	1
1:A:42:GLN:O	1:A:43:ILE:C	0.42	2.57	8	3
1:A:67:LEU:CD1	1:A:67:LEU:C	0.42	2.87	12	1
1:A:205:LEU:CD1	1:A:205:LEU:C	0.42	2.79	15	1
1:A:158:SER:O	1:A:161:GLU:OE2	0.42	2.37	3	1
1:A:20:ALA:CB	1:A:96:ARG:NH2	0.42	2.83	4	1
1:A:16:LYS:N	1:A:16:LYS:CD	0.42	2.83	5	1
1:A:95:VAL:CG2	1:A:99:LEU:HD12	0.42	2.43	9	1
1:A:303:GLN:OE1	1:A:303:GLN:O	0.42	2.36	15	1
1:A:38:LYS:O	1:A:41:LEU:CD1	0.42	2.67	15	1
1:A:78:LEU:N	1:A:78:LEU:CD2	0.42	2.82	4	1
1:A:28:ASP:O	1:A:28:ASP:OD1	0.42	2.37	8	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:280:LEU:CD1	1:A:284:ASN:ND2	0.42	2.82	9	1
1:A:31:THR:O	1:A:31:THR:CG2	0.42	2.68	10	1
1:A:179:THR:O	1:A:182:ASN:OD1	0.42	2.38	15	1
1:A:217:HIS:NE2	1:A:218:PHE:CZ	0.42	2.86	1	1
1:A:80:ASN:ND2	1:A:156:TYR:CZ	0.42	2.87	6	1
1:A:58:GLN:OE1	1:A:59:TYR:O	0.42	2.36	7	1
1:A:218:PHE:CE1	1:A:294:LEU:HD12	0.42	2.50	13	1
1:A:161:GLU:OE2	1:A:162:ALA:CA	0.42	2.67	14	1
1:A:74:GLY:O	1:A:77:SER:CB	0.42	2.68	1	4
1:A:189:VAL:O	1:A:193:GLU:OE1	0.42	2.38	6	1
1:A:40:ARG:NH2	1:A:44:GLN:OE1	0.42	2.52	12	1
1:A:147:GLN:OE1	1:A:147:GLN:C	0.42	2.58	2	1
1:A:208:ASN:CG	1:A:209:LEU:N	0.42	2.73	7	2
1:A:183:VAL:CG1	1:A:184:ALA:N	0.42	2.83	4	2
1:A:50:LEU:CD2	1:A:50:LEU:N	0.42	2.83	9	1
1:A:44:GLN:NE2	1:A:58:GLN:CD	0.42	2.73	12	1
1:A:98:GLY:O	1:A:102:SER:OG	0.42	2.35	12	1
1:A:260:MET:CG	1:A:261:LEU:N	0.42	2.83	13	1
1:A:73:GLU:CD	1:A:73:GLU:N	0.42	2.73	7	1
1:A:28:ASP:CG	1:A:88:ARG:NH2	0.42	2.73	9	1
1:A:80:ASN:OD1	1:A:80:ASN:N	0.42	2.53	5	1
1:A:166:ILE:O	1:A:170:GLU:OE1	0.42	2.37	11	1
1:A:189:VAL:O	1:A:193:GLU:CB	0.42	2.68	15	1
1:A:51:VAL:CG2	1:A:52:ARG:N	0.42	2.83	5	1
1:A:172:ILE:CG1	1:A:173:ARG:N	0.42	2.82	6	1
1:A:42:GLN:C	1:A:44:GLN:H	0.41	2.18	1	1
1:A:109:LYS:C	1:A:111:SER:H	0.41	2.17	3	1
1:A:141:LYS:O	1:A:145:GLN:NE2	0.41	2.53	5	1
1:A:144:PHE:C	1:A:144:PHE:CD1	0.41	2.93	5	1
1:A:231:ILE:N	1:A:231:ILE:HD12	0.41	2.30	6	1
1:A:50:LEU:O	1:A:53:THR:OG1	0.41	2.35	6	1
1:A:56:SER:O	1:A:58:GLN:OE1	0.41	2.37	13	1
1:A:107:TYR:O	1:A:119:ARG:NE	0.41	2.54	15	1
1:A:128:ALA:O	1:A:131:VAL:CG1	0.41	2.69	14	2
1:A:51:VAL:CG1	1:A:52:ARG:N	0.41	2.82	10	1
1:A:107:TYR:CZ	1:A:123:GLY:CA	0.41	3.02	15	1
1:A:156:TYR:O	1:A:156:TYR:CD1	0.41	2.73	1	1
1:A:231:ILE:HD12	1:A:231:ILE:N	0.41	2.30	1	1
1:A:136:PRO:O	1:A:140:VAL:HG23	0.41	2.15	2	1
1:A:28:ASP:OD1	1:A:28:ASP:O	0.41	2.38	3	1
1:A:77:SER:C	1:A:80:ASN:OD1	0.41	2.59	5	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:207:ALA:O	1:A:208:ASN:OD1	0.41	2.37	10	1
1:A:217:HIS:CG	1:A:218:PHE:N	0.41	2.88	14	1
1:A:46:GLU:OE1	1:A:51:VAL:CG1	0.41	2.69	14	1
1:A:42:GLN:C	1:A:44:GLN:N	0.41	2.74	8	2
1:A:277:PHE:C	1:A:277:PHE:CD1	0.41	2.94	9	1
1:A:45:GLY:C	1:A:47:SER:H	0.41	2.17	9	1
1:A:35:ASP:OD1	1:A:36:THR:HG23	0.41	2.15	14	1
1:A:40:ARG:NH1	1:A:58:GLN:OE1	0.41	2.51	15	1
1:A:112:GLU:O	1:A:113:HIS:ND1	0.41	2.53	5	1
1:A:104:LYS:HG3	1:A:105:GLN:N	0.41	2.31	6	1
1:A:97:ILE:HG22	1:A:97:ILE:O	0.41	2.15	6	1
1:A:70:VAL:CG1	1:A:71:ARG:N	0.41	2.83	7	1
1:A:208:ASN:C	1:A:208:ASN:ND2	0.41	2.73	10	1
1:A:237:VAL:HG23	1:A:238:VAL:N	0.41	2.30	15	1
1:A:25:CYS:SG	1:A:89:GLN:OE1	0.41	2.72	1	1
1:A:307:ALA:HB3	1:A:308:PRO:HD3	0.41	1.93	5	2
1:A:208:ASN:OD1	1:A:208:ASN:C	0.41	2.59	2	1
1:A:213:ASP:O	1:A:213:ASP:OD2	0.41	2.38	4	1
1:A:34:LEU:N	1:A:34:LEU:CD2	0.41	2.83	6	1
1:A:86:LEU:N	1:A:86:LEU:CD2	0.41	2.84	3	1
1:A:260:MET:CE	1:A:269:PHE:CE2	0.41	3.04	7	1
1:A:265:GLY:C	1:A:267:ARG:N	0.41	2.74	11	1
1:A:27:ALA:O	1:A:31:THR:CG2	0.41	2.69	11	1
1:A:137:THR:CG2	1:A:141:LYS:NZ	0.41	2.84	14	1
1:A:110:GLY:C	1:A:111:SER:HG	0.41	2.19	5	1
1:A:163:TYR:O	1:A:163:TYR:CD1	0.41	2.74	7	1
1:A:76:ARG:O	1:A:80:ASN:CG	0.41	2.59	8	1
1:A:32:PHE:C	1:A:32:PHE:CD1	0.41	2.93	9	1
1:A:163:TYR:CE2	1:A:175:LEU:HD23	0.41	2.51	9	1
1:A:286:VAL:O	1:A:289:VAL:CG2	0.41	2.69	9	1
1:A:24:ALA:O	1:A:89:GLN:OE1	0.41	2.39	10	1
1:A:213:ASP:OD1	1:A:213:ASP:O	0.41	2.38	11	1
1:A:139:VAL:HG23	1:A:140:VAL:N	0.41	2.31	14	2
1:A:82:LEU:CD1	1:A:83:VAL:N	0.41	2.71	13	1
1:A:287:MET:O	1:A:290:THR:OG1	0.41	2.38	3	1
1:A:284:ASN:ND2	1:A:285:VAL:N	0.41	2.67	4	1
1:A:46:GLU:O	1:A:47:SER:OG	0.41	2.37	5	1
1:A:143:ARG:NH2	1:A:170:GLU:CD	0.41	2.73	15	1
1:A:16:LYS:CG	1:A:17:PHE:N	0.40	2.83	6	1
1:A:176:TRP:CD1	1:A:176:TRP:N	0.40	2.87	10	1
1:A:120:LEU:C	1:A:120:LEU:CD1	0.40	2.85	11	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:50:LEU:HD13	1:A:51:VAL:H	0.40	1.76	12	1
1:A:166:ILE:CG1	1:A:167:ALA:N	0.40	2.84	13	1
1:A:264:GLU:CD	1:A:265:GLY:N	0.40	2.74	3	1
1:A:205:LEU:CD2	1:A:205:LEU:O	0.40	2.69	5	1
1:A:280:LEU:C	1:A:280:LEU:CD1	0.40	2.84	5	1
1:A:186:ASN:O	1:A:186:ASN:ND2	0.40	2.53	7	1
1:A:298:LEU:O	1:A:299:MET:C	0.40	2.59	7	1
1:A:231:ILE:CD1	1:A:231:ILE:C	0.40	2.87	9	1
1:A:165:THR:O	1:A:169:GLU:OE1	0.40	2.39	10	1
1:A:277:PHE:CD1	1:A:277:PHE:C	0.40	2.95	11	1
1:A:166:ILE:HG23	1:A:167:ALA:N	0.40	2.31	14	1
1:A:214:LEU:O	1:A:217:HIS:CE1	0.40	2.74	1	1
1:A:46:GLU:H	1:A:51:VAL:CG2	0.40	2.29	2	1
1:A:29:LEU:HD23	1:A:29:LEU:O	0.40	2.16	4	1
1:A:164:LYS:NZ	1:A:164:LYS:CB	0.40	2.84	6	1
1:A:236:ASP:C	1:A:236:ASP:OD1	0.40	2.59	8	1
1:A:193:GLU:CD	1:A:193:GLU:O	0.40	2.60	9	1
1:A:88:ARG:HE	1:A:89:GLN:NE2	0.40	2.11	9	1
1:A:29:LEU:HD13	1:A:29:LEU:O	0.40	2.17	10	1
1:A:31:THR:O	1:A:34:LEU:CD2	0.40	2.67	10	1
1:A:33:PRO:O	1:A:36:THR:CG2	0.40	2.69	2	1
1:A:192:ALA:O	1:A:196:THR:HG23	0.40	2.16	3	1
1:A:189:VAL:O	1:A:193:GLU:CD	0.40	2.60	5	1
1:A:104:LYS:HB3	1:A:104:LYS:HZ3	0.40	1.75	6	1
1:A:156:TYR:CD2	1:A:156:TYR:O	0.40	2.75	8	1
1:A:228:THR:O	1:A:231:ILE:HG22	0.40	2.15	14	1
1:A:78:LEU:HD22	1:A:78:LEU:N	0.40	2.31	4	1
1:A:194:LEU:HG	1:A:195:VAL:N	0.40	2.30	8	1
1:A:44:GLN:CD	1:A:44:GLN:N	0.40	2.74	8	1
1:A:157:GLN:CD	1:A:157:GLN:N	0.40	2.75	9	1
1:A:131:VAL:O	1:A:135:GLN:CD	0.40	2.60	12	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	269/303 (89%)	234±3 (87±1%)	16±2 (6±1%)	19±2 (7±1%)	2	16
All	All	4035/4545 (89%)	3514 (87%)	233 (6%)	288 (7%)	2	16

All 47 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	114	ALA	15
1	A	98	GLY	15
1	A	265	GLY	15
1	A	41	LEU	15
1	A	135	GLN	15
1	A	272	GLY	13
1	A	61	GLY	13
1	A	57	ALA	13
1	A	111	SER	12
1	A	209	LEU	11
1	A	113	HIS	11
1	A	208	ASN	11
1	A	273	PHE	10
1	A	43	ILE	9
1	A	110	GLY	9
1	A	58	GLN	7
1	A	263	LYS	6
1	A	157	GLN	6
1	A	55	ALA	6
1	A	150	ALA	6
1	A	81	GLY	5
1	A	59	TYR	5
1	A	156	TYR	5
1	A	207	ALA	5
1	A	47	SER	4
1	A	112	GLU	4
1	A	44	GLN	4
1	A	42	GLN	3
1	A	151	GLY	3
1	A	14	THR	3
1	A	299	MET	3
1	A	109	LYS	3
1	A	60	ARG	2
1	A	266	PRO	2
1	A	213	ASP	2
1	A	149	ARG	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	264	GLU	2
1	A	56	SER	2
1	A	46	GLU	2
1	A	271	LYS	2
1	A	54	ALA	1
1	A	48	GLN	1
1	A	45	GLY	1
1	A	148	ALA	1
1	A	49	GLY	1
1	A	152	GLY	1
1	A	15	VAL	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	212/239 (89%)	189±5 (89±2%)	23±5 (11±2%)	10	54
All	All	3180/3585 (89%)	2838 (89%)	342 (11%)	10	54

All 131 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	233	SER	11
1	A	285	VAL	9
1	A	274	MET	8
1	A	82	LEU	7
1	A	106	PHE	7
1	A	180	SER	7
1	A	67	LEU	6
1	A	286	VAL	6
1	A	205	LEU	6
1	A	41	LEU	6
1	A	280	LEU	6
1	A	260	MET	6
1	A	287	MET	6
1	A	103	VAL	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	104	LYS	5
1	A	113	HIS	5
1	A	209	LEU	5
1	A	193	GLU	5
1	A	147	GLN	5
1	A	208	ASN	5
1	A	50	LEU	5
1	A	289	VAL	5
1	A	72	THR	4
1	A	298	LEU	4
1	A	80	ASN	4
1	A	227	CYS	4
1	A	203	THR	4
1	A	97	ILE	4
1	A	129	LEU	4
1	A	34	LEU	4
1	A	166	ILE	4
1	A	284	ASN	4
1	A	143	ARG	4
1	A	228	THR	4
1	A	69	MET	4
1	A	190	ASN	3
1	A	185	ARG	3
1	A	31	THR	3
1	A	53	THR	3
1	A	26	ILE	3
1	A	175	LEU	3
1	A	100	TYR	3
1	A	194	LEU	3
1	A	186	ASN	3
1	A	261	LEU	3
1	A	179	THR	3
1	A	269	PHE	2
1	A	279	ARG	2
1	A	172	ILE	2
1	A	16	LYS	2
1	A	195	VAL	2
1	A	191	CYS	2
1	A	14	THR	2
1	A	63	LEU	2
1	A	229	THR	2
1	A	90	MET	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	52	ARG	2
1	A	290	THR	2
1	A	292	GLU	2
1	A	294	LEU	2
1	A	236	ASP	2
1	A	42	GLN	2
1	A	48	GLN	2
1	A	29	LEU	2
1	A	135	GLN	2
1	A	109	LYS	2
1	A	237	VAL	2
1	A	163	TYR	2
1	A	38	LYS	2
1	A	263	LYS	2
1	A	18	LEU	2
1	A	206	LYS	2
1	A	231	ILE	2
1	A	204	LEU	2
1	A	108	THR	2
1	A	264	GLU	2
1	A	43	ILE	2
1	A	299	MET	2
1	A	65	THR	2
1	A	278	LEU	2
1	A	40	ARG	2
1	A	271	LYS	2
1	A	76	ARG	1
1	A	120	LEU	1
1	A	218	PHE	1
1	A	219	THR	1
1	A	198	ASP	1
1	A	216	CYS	1
1	A	226	PHE	1
1	A	214	LEU	1
1	A	30	ILE	1
1	A	73	GLU	1
1	A	288	PHE	1
1	A	173	ARG	1
1	A	303	GLN	1
1	A	78	LEU	1
1	A	267	ARG	1
1	A	22	THR	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	101	ASP	1
1	A	170	GLU	1
1	A	169	GLU	1
1	A	89	GLN	1
1	A	182	ASN	1
1	A	201	LYS	1
1	A	235	VAL	1
1	A	87	GLN	1
1	A	60	ARG	1
1	A	230	VAL	1
1	A	164	LYS	1
1	A	36	THR	1
1	A	17	PHE	1
1	A	156	TYR	1
1	A	197	TYR	1
1	A	145	GLN	1
1	A	32	PHE	1
1	A	139	VAL	1
1	A	46	GLU	1
1	A	183	VAL	1
1	A	305	ARG	1
1	A	47	SER	1
1	A	137	THR	1
1	A	168	ARG	1
1	A	293	GLN	1
1	A	282	SER	1
1	A	107	TYR	1
1	A	96	ARG	1
1	A	112	GLU	1
1	A	177	LYS	1
1	A	161	GLU	1
1	A	199	LEU	1
1	A	296	ARG	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 carbohydrates 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 [i](#)

The completeness of assignment taking into account all chemical shift lists is 34% for the well-defined parts and 33% for the entire structure.

### 7.1 Chemical shift list 1

File name: input\_cs.cif

Chemical shift list name: *assigned\_chem\_shift\_list\_1*

#### 7.1.1 Bookkeeping [i](#)

The following table shows the results of parsing the chemical shift list and reports the number of nuclei with statistically unusual chemical shifts.

Total number of shifts	1180
Number of shifts mapped to atoms	1180
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Number of shift outliers (ShiftChecker)	1

#### 7.1.2 Chemical shift referencing [i](#)

The following table shows the suggested chemical shift referencing corrections.

Nucleus	# values	Correction $\pm$ precision, ppm	Suggested action
$^{13}\text{C}_\alpha$	241	$-0.39 \pm 0.08$	None needed ( $< 0.5$ ppm)
$^{13}\text{C}_\beta$	215	$0.10 \pm 0.04$	None needed ( $< 0.5$ ppm)
$^{13}\text{C}'$	239	$0.01 \pm 0.04$	None needed ( $< 0.5$ ppm)
$^{15}\text{N}$	236	$0.35 \pm 0.13$	None needed ( $< 0.5$ ppm)

#### 7.1.3 Completeness of resonance assignments [i](#)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the well-defined regions of the structure. The overall completeness is 34%, i.e. 1095 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 3222. 0 out of 50 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	$^1\text{H}$	$^{13}\text{C}$	$^{15}\text{N}$
Backbone	894/1332 (67%)	230/531 (43%)	445/540 (82%)	219/261 (84%)
Sidechain	201/1655 (12%)	0/964 (0%)	201/606 (33%)	0/85 (0%)

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

	Total	<sup>1</sup> H	<sup>13</sup> C	<sup>15</sup> N
Aromatic	0/235 (0%)	0/125 (0%)	0/106 (0%)	0/4 (0%)
Overall	1095/3222 (34%)	230/1620 (14%)	646/1252 (52%)	219/350 (63%)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the full structure. The overall completeness is 33%, i.e. 1180 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 3552. 0 out of 52 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	<sup>1</sup> H	<sup>13</sup> C	<sup>15</sup> N
Backbone	965/1467 (66%)	249/585 (43%)	480/594 (81%)	236/288 (82%)
Sidechain	215/1820 (12%)	0/1063 (0%)	215/660 (33%)	0/97 (0%)
Aromatic	0/265 (0%)	0/141 (0%)	0/118 (0%)	0/6 (0%)
Overall	1180/3552 (33%)	249/1789 (14%)	695/1372 (51%)	236/391 (60%)

#### 7.1.4 Statistically unusual chemical shifts [i](#)

The following table lists the statistically unusual chemical shifts. These are statistical measures, and large deviations from the mean do not necessarily imply incorrect assignments. Molecules containing paramagnetic centres or hemes are expected to give rise to anomalous chemical shifts.

Mol	Chain	Res	Type	Atom	Shift, ppm	Expected range, ppm	Z-score
1	A	184	ALA	CB	28.23	28.03 – 9.93	5.1

#### 7.1.5 Random Coil Index (RCI) plots [i](#)

The image below reports *random coil index* values for the protein chains in the structure. The height of each bar gives a probability of a given residue to be disordered, as predicted from the available chemical shifts and the amino acid sequence. A value above 0.2 is an indication of significant predicted disorder. The colour of the bar shows whether the residue is in the well-defined core (black) or in the ill-defined residue ranges (cyan), as described in section 2 on ensemble composition.

Random coil index (RCI) for chain A:

