



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Feb 16, 2022 – 09:08 AM EST

PDB ID : 1N6U
Title : NMR structure of the interferon-binding ectodomain of the human interferon receptor
Authors : Chill, J.H.; Quadt, S.R.; Levy, R.; Schreiber, G.; Anglister, J.
Deposited on : 2002-11-12

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

We welcome your comments at validation@mail.wwpdb.org
A user guide is available at
<https://www.wwpdb.org/validation/2017/NMRValidationReportHelp>
with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

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

MolProbity : 4.02b-467
Percentile statistics : 20191225.v01 (using entries in the PDB archive December 25th 2019)
RCI : v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV : Wang et al. (2010)
ShiftChecker : 2.26
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.26

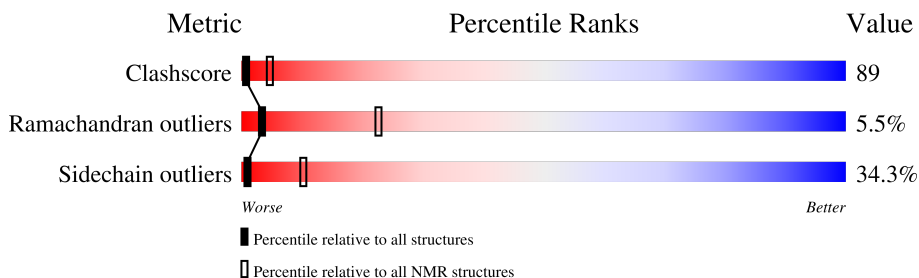
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

SOLUTION NMR

The overall completeness of chemical shifts assignment was not calculated.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	NMR archive (#Entries)
Clashscore	158937	12864
Ramachandran outliers	154571	11451
Sidechain outliers	154315	11428

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

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	212	

2 Ensemble composition and analysis i

This entry contains 22 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:11-A:205 (195)	0.47	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 4 clusters and 4 single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	1, 3, 4, 6, 7, 10, 12, 14, 15, 17
2	2, 9, 11, 18
3	13, 22
4	8, 21
Single-model clusters	5; 16; 19; 20

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 3366 atoms, of which 1656 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Interferon-alpha/beta receptor beta chain.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
			Total	C	H	N	O	S	
1	A	212	3366	1094	1656	270	336	10	0

There are 2 discrepancies between the modelled and reference sequences:

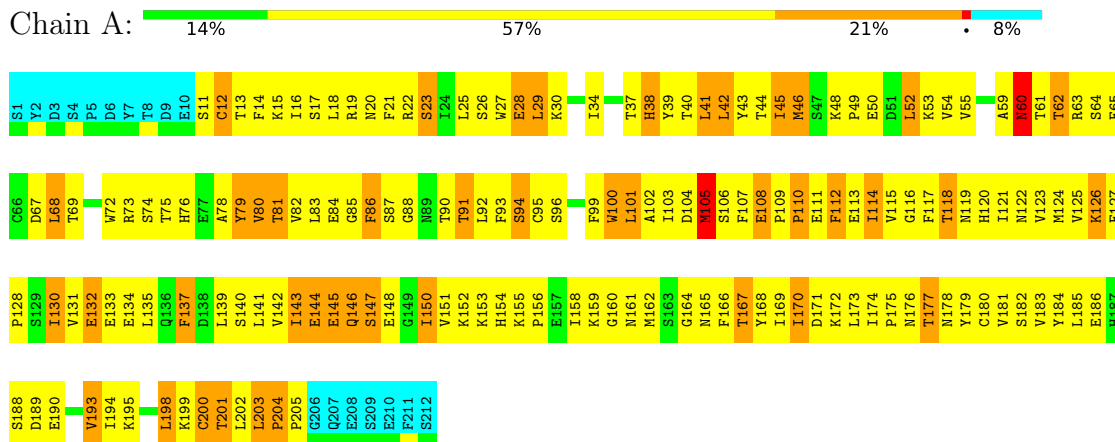
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	211	PHE	-	cloning artifact	UNP P48551
A	212	SER	-	cloning artifact	UNP P48551

4 Residue-property plots i

4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

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

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain

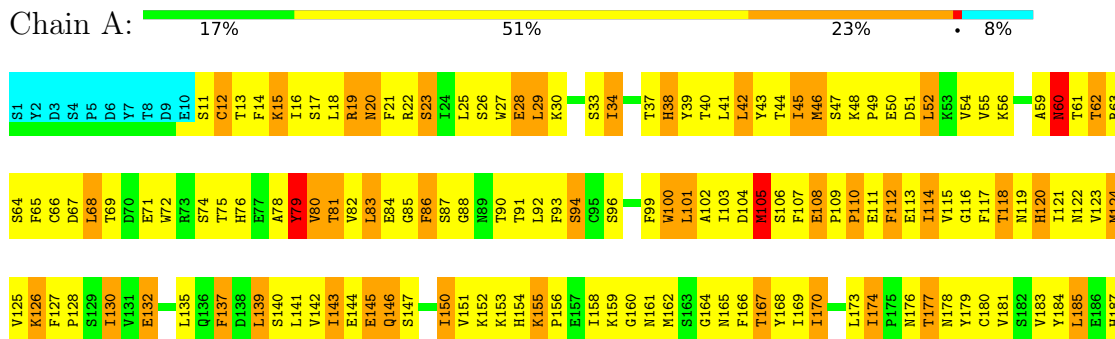


4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

4.2.1 Score per residue for model 1

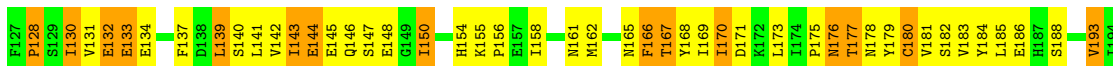
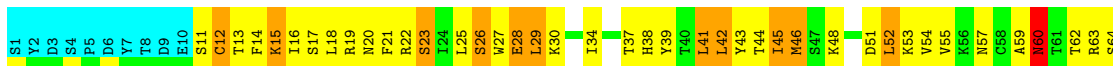
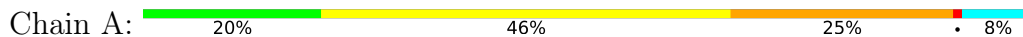
- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain





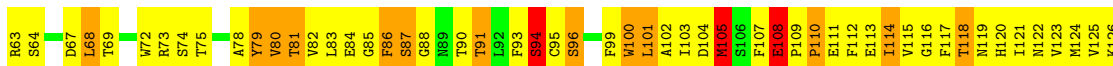
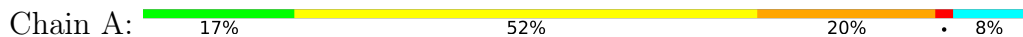
4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



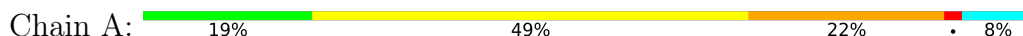
4.2.3 Score per residue for model 3

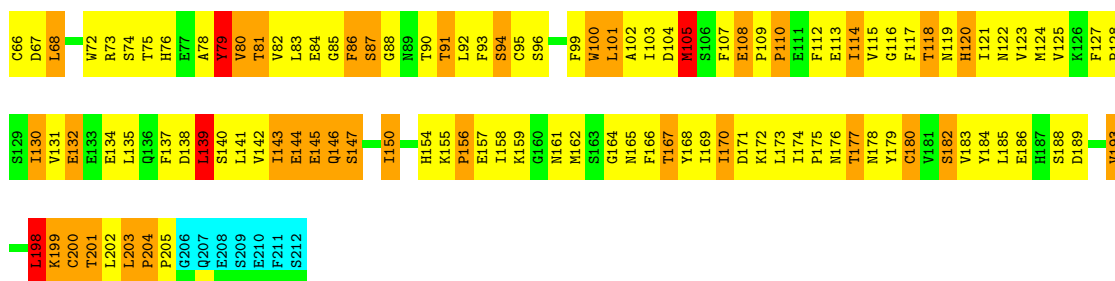
- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain

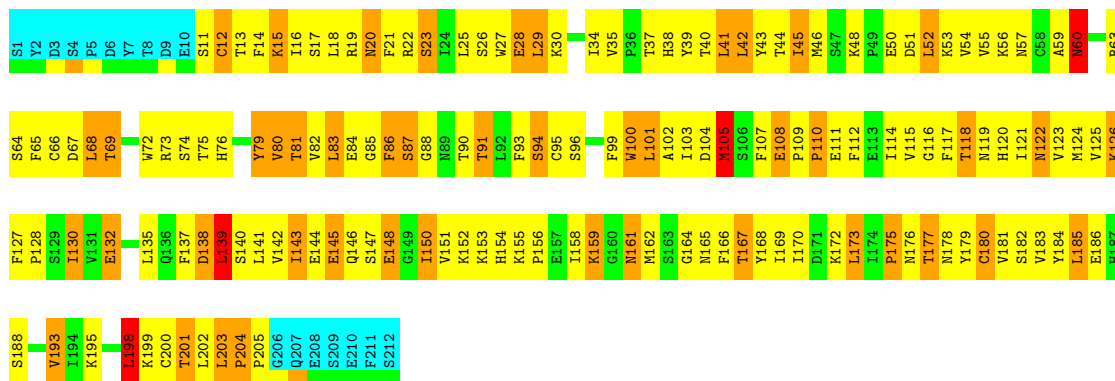




4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain

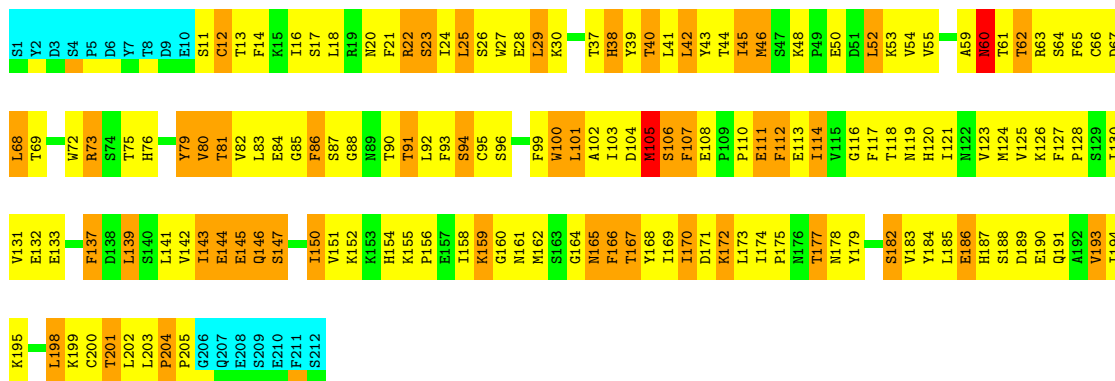
Chain A: 18% 50% 22% 8%



4.2.6 Score per residue for model 6

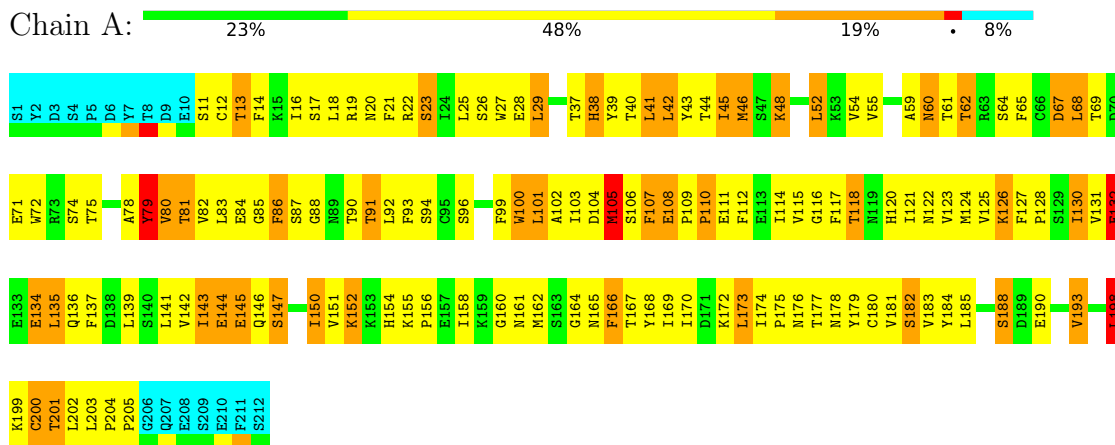
- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain

Chain A: 20% 49% 23% 8%



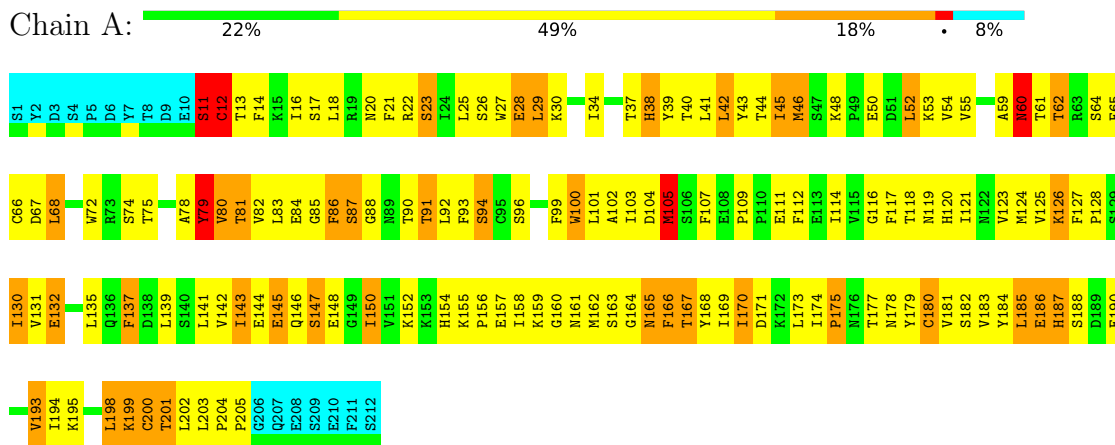
4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



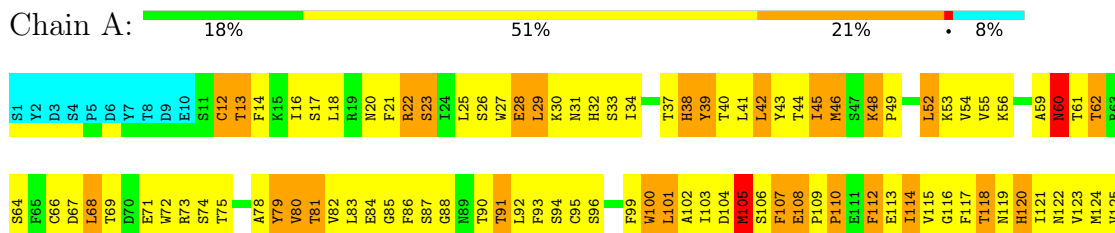
4.2.8 Score per residue for model 8

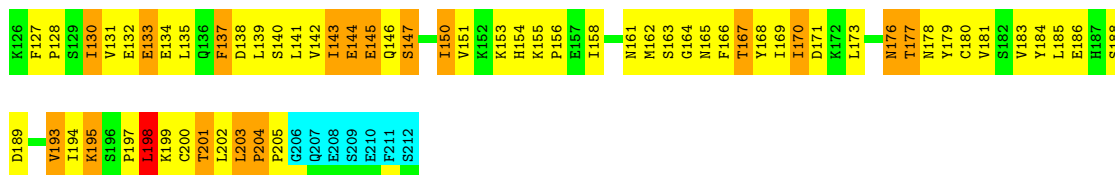
- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



4.2.9 Score per residue for model 9

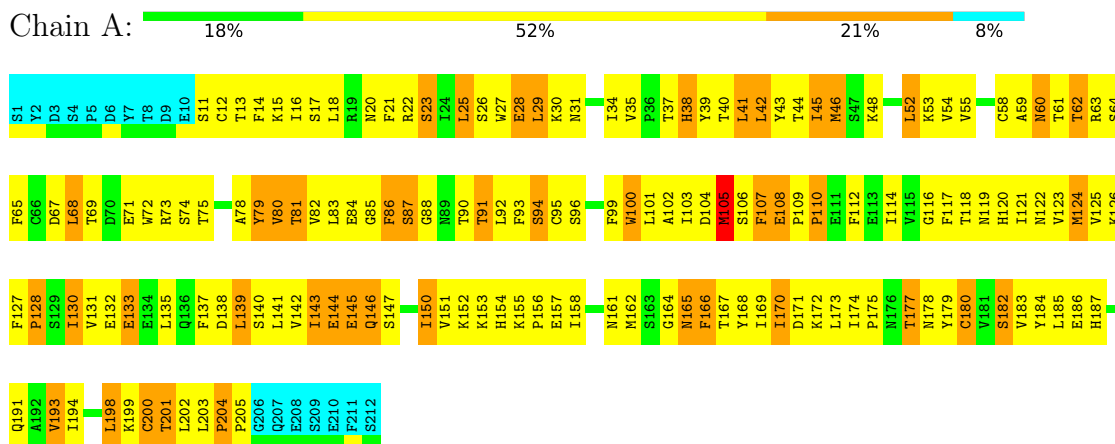
- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain





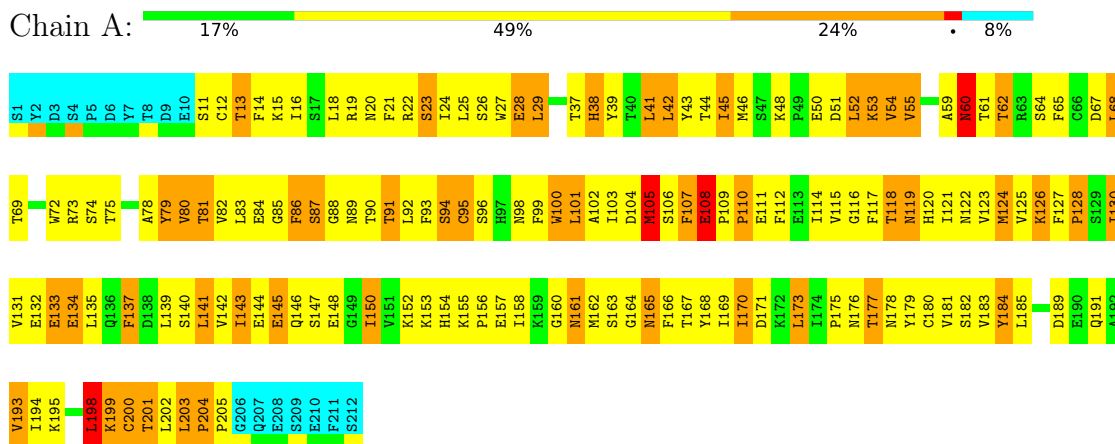
4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



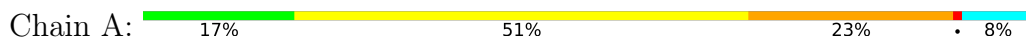
4.2.11 Score per residue for model 11

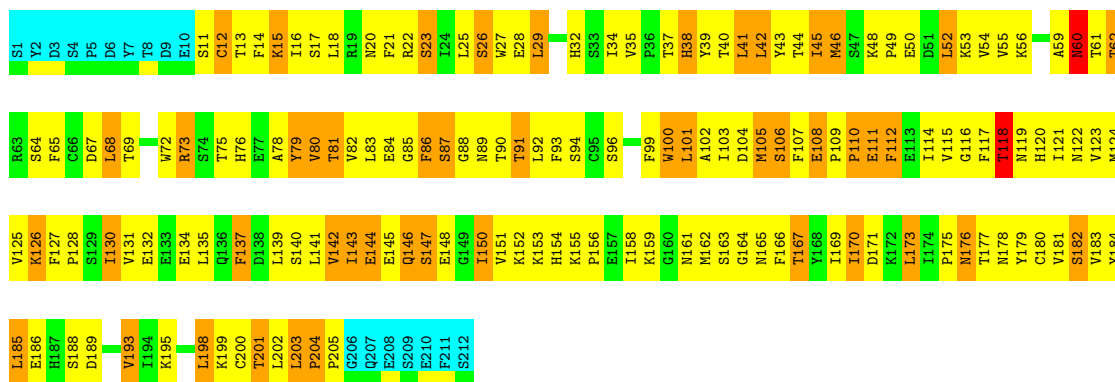
- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



4.2.12 Score per residue for model 12 (medoid)

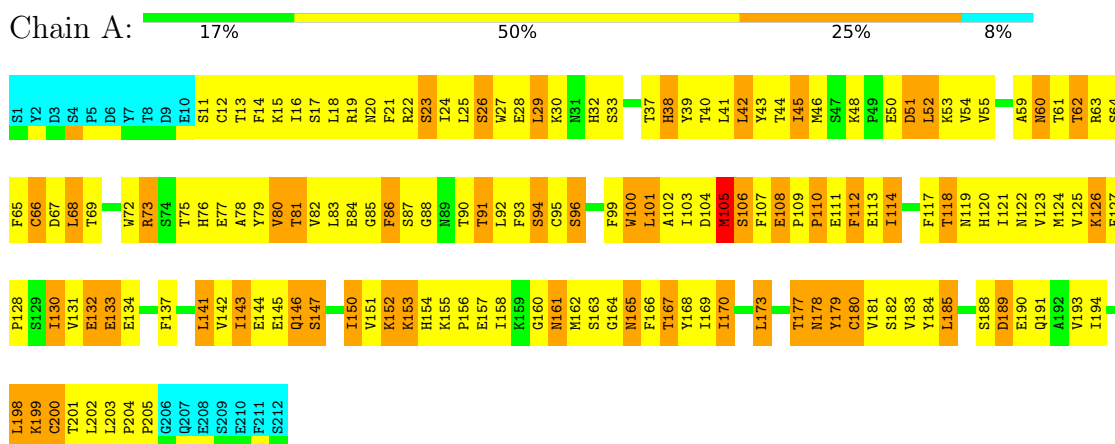
- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain





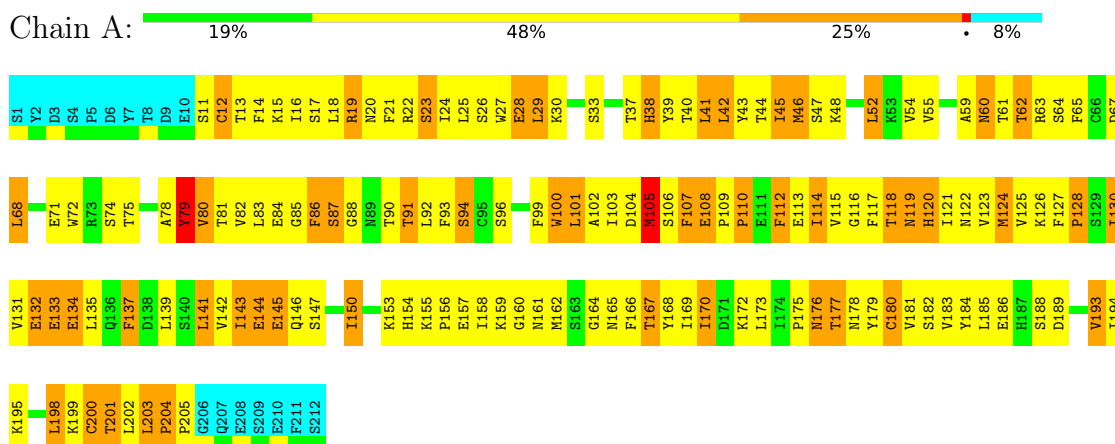
4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



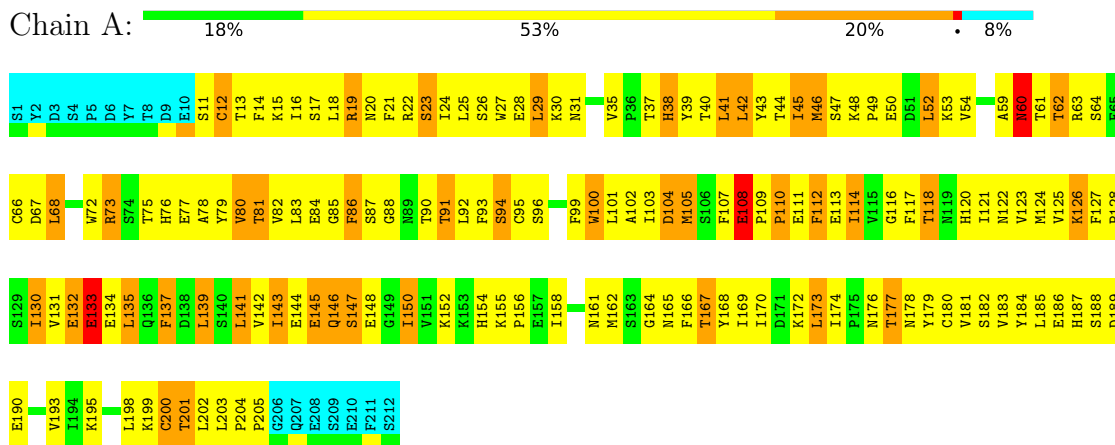
4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



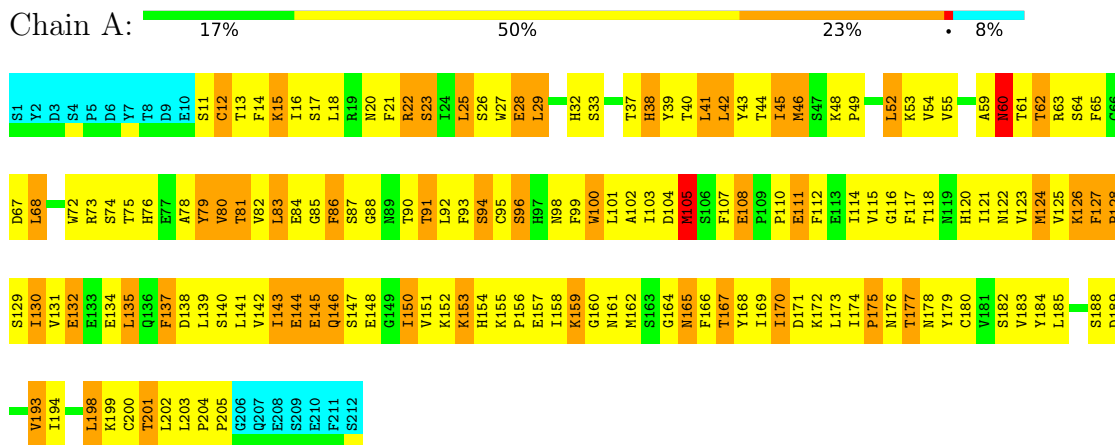
4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



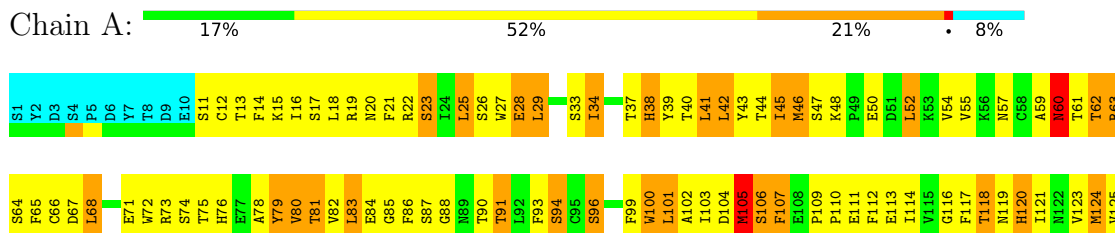
4.2.16 Score per residue for model 16

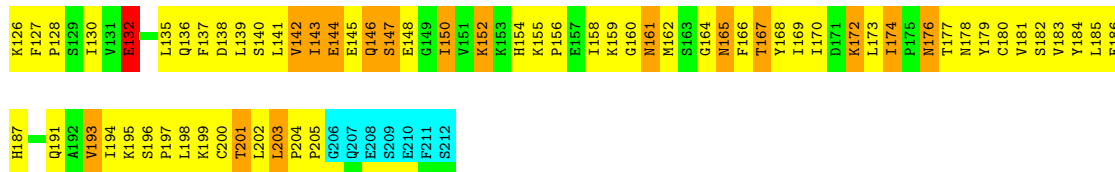
- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



4.2.17 Score per residue for model 17

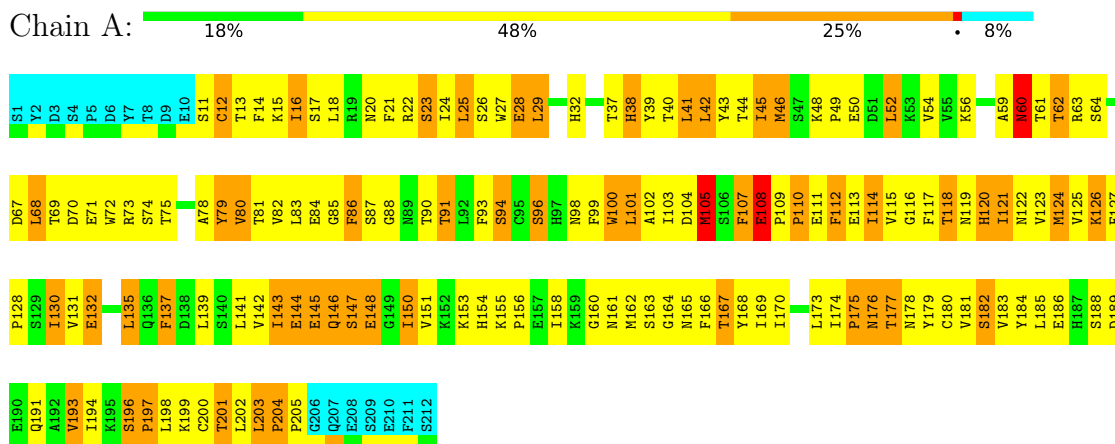
- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain





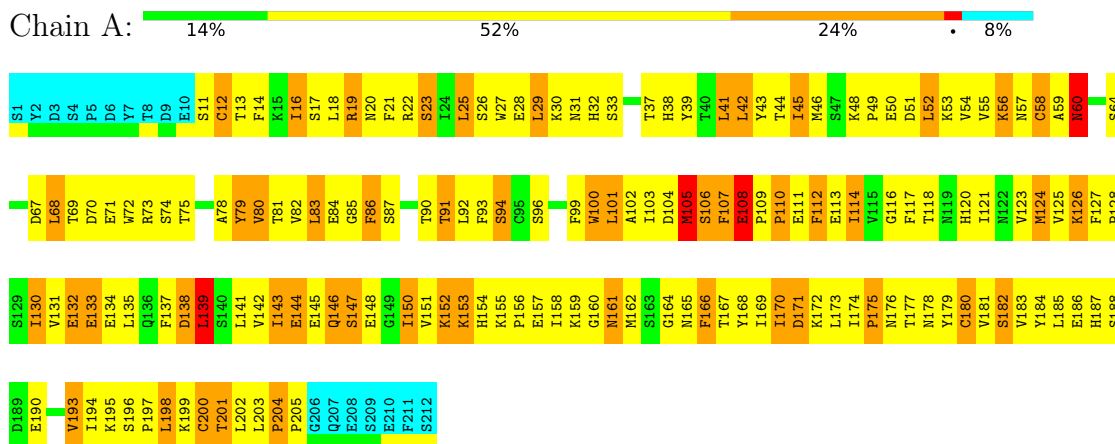
4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



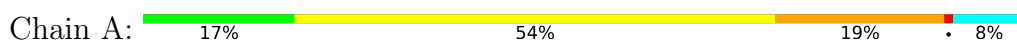
4.2.19 Score per residue for model 19

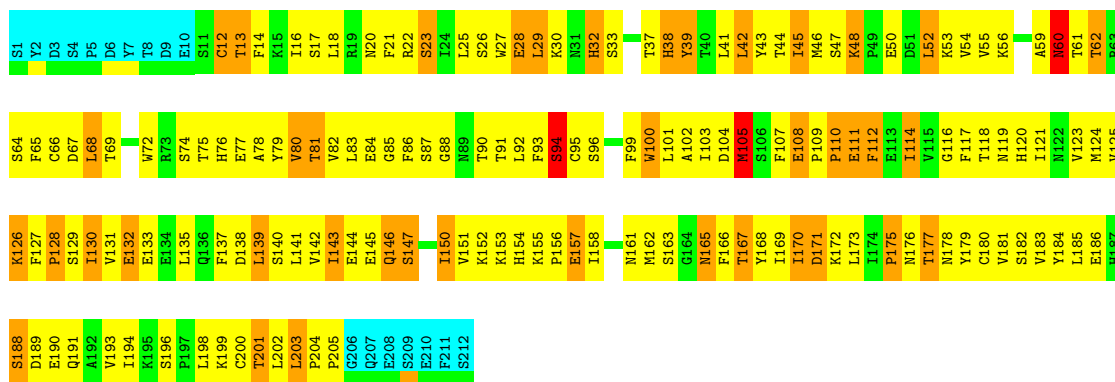
- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



4.2.20 Score per residue for model 20

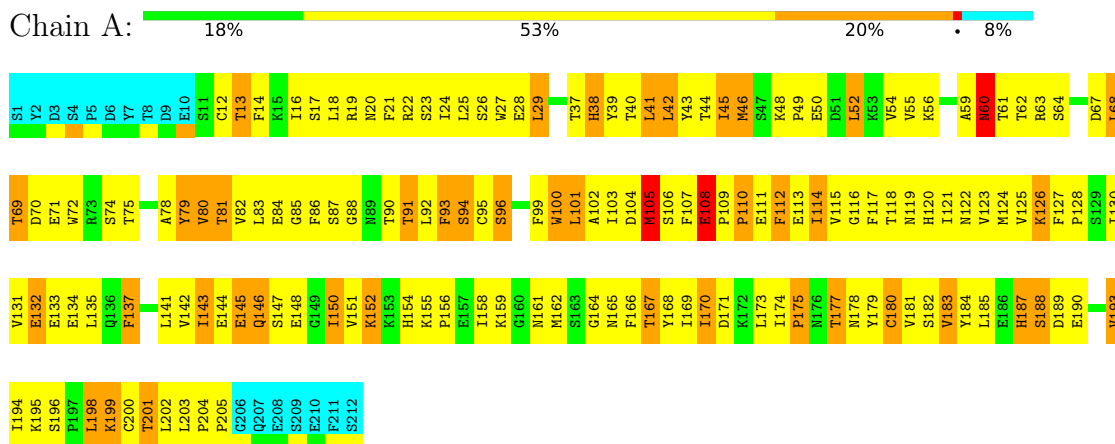
- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain





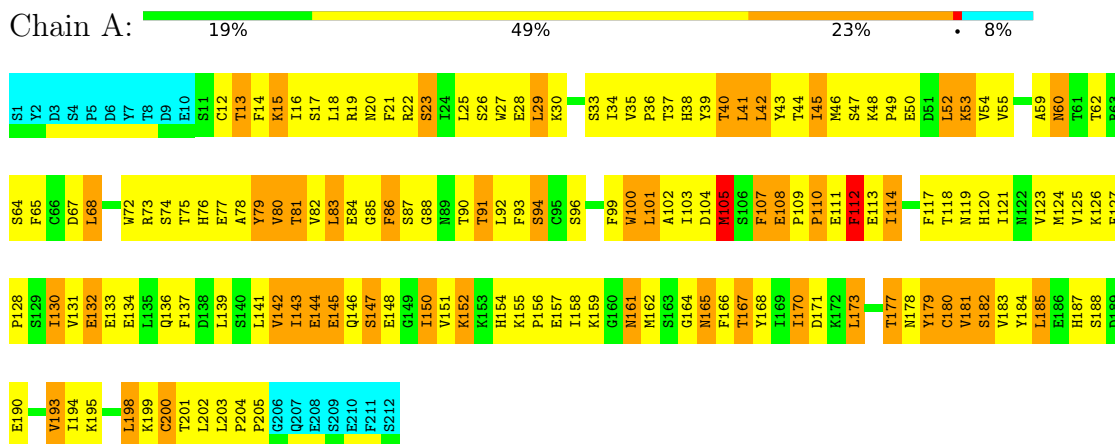
4.2.21 Score per residue for model 21

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



4.2.22 Score per residue for model 22

- Molecule 1: Interferon-alpha/beta receptor beta chain



5 Refinement protocol and experimental data overview

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

Of the 35 calculated structures, 22 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
CNS	structure solution	1.1
CNS	refinement	1.1

No chemical shift data was provided.

6 Model quality

6.1 Standard geometry

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

There are no bond-length outliers.

There are no bond-angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

6.2 Too-close contacts

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

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes
1	A	1572	1552	1545	278±12
All	All	34584	34144	33990	6115

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 89.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:180:CYS:HB3	1:A:198:LEU:HG	1.06	1.26	9	6
1:A:34:ILE:HD11	1:A:92:LEU:HD13	1.05	1.21	12	3
1:A:114:ILE:HD12	1:A:201:THR:HG22	0.99	1.32	22	15
1:A:44:THR:HG23	1:A:80:VAL:HG23	0.99	1.34	11	22
1:A:124:MET:SD	1:A:167:THR:HG23	0.95	2.01	9	18
1:A:86:PHE:CD2	1:A:91:THR:HG23	0.94	1.97	3	19
1:A:143:ILE:HD13	1:A:143:ILE:N	0.93	1.79	21	22
1:A:147:SER:O	1:A:150:ILE:HD12	0.93	1.63	13	14
1:A:121:ILE:HG23	1:A:170:ILE:O	0.91	1.64	18	1
1:A:18:LEU:HD23	1:A:107:PHE:CE1	0.91	1.99	20	8
1:A:43:TYR:CB	1:A:81:THR:HG23	0.90	1.97	16	19
1:A:114:ILE:HD12	1:A:201:THR:CG2	0.90	1.96	22	19
1:A:25:LEU:HD11	1:A:41:LEU:HD11	0.89	1.45	14	22
1:A:184:TYR:CE2	1:A:193:VAL:HG12	0.88	2.02	6	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:114:ILE:HG22	1:A:123:VAL:HA	0.88	1.46	13	21
1:A:107:PHE:CE1	1:A:185:LEU:HD22	0.88	2.04	4	1
1:A:107:PHE:CE2	1:A:139:LEU:HD11	0.87	2.05	15	1
1:A:85:GLY:HA3	1:A:93:PHE:CZ	0.87	2.04	20	22
1:A:25:LEU:HD11	1:A:41:LEU:HD21	0.87	1.47	18	19
1:A:179:TYR:O	1:A:199:LYS:O	0.86	1.93	13	2
1:A:170:ILE:HD13	1:A:179:TYR:CE2	0.86	2.06	13	1
1:A:147:SER:HB2	1:A:177:THR:HG22	0.85	1.49	2	16
1:A:29:LEU:HD13	1:A:29:LEU:N	0.85	1.86	8	11
1:A:170:ILE:HG22	1:A:173:LEU:HD11	0.85	1.49	18	2
1:A:143:ILE:HD11	1:A:156:PRO:HD2	0.84	1.45	5	20
1:A:158:ILE:HD13	1:A:166:PHE:CZ	0.84	2.08	19	7
1:A:18:LEU:HD23	1:A:107:PHE:CZ	0.84	2.08	4	1
1:A:25:LEU:HD23	1:A:25:LEU:O	0.84	1.71	16	2
1:A:178:ASN:N	1:A:202:LEU:HD13	0.83	1.88	5	19
1:A:141:LEU:HD21	1:A:183:VAL:HG12	0.83	1.49	21	5
1:A:27:TRP:CE3	1:A:83:LEU:HD13	0.83	2.08	10	22
1:A:107:PHE:CZ	1:A:185:LEU:HD12	0.83	2.08	13	1
1:A:179:TYR:CE1	1:A:201:THR:HG22	0.82	2.08	7	13
1:A:25:LEU:HD21	1:A:41:LEU:HD21	0.82	1.51	17	1
1:A:86:PHE:CD1	1:A:91:THR:HG22	0.82	2.08	1	2
1:A:72:TRP:HA	1:A:79:TYR:CZ	0.82	2.09	5	22
1:A:25:LEU:CD1	1:A:41:LEU:HD11	0.82	2.05	17	12
1:A:143:ILE:HD11	1:A:156:PRO:CD	0.81	2.06	5	22
1:A:25:LEU:CD1	1:A:41:LEU:HD21	0.80	2.06	18	19
1:A:107:PHE:CD2	1:A:185:LEU:HD23	0.80	2.10	2	1
1:A:29:LEU:HD22	1:A:93:PHE:CE2	0.80	2.11	3	11
1:A:141:LEU:HD13	1:A:142:VAL:N	0.80	1.92	10	12
1:A:34:ILE:CD1	1:A:92:LEU:HD13	0.80	2.06	12	3
1:A:114:ILE:HD11	1:A:199:LYS:O	0.80	1.77	22	21
1:A:105:MET:O	1:A:185:LEU:HD21	0.80	1.77	2	5
1:A:100:TRP:CD1	1:A:103:ILE:HD13	0.79	2.12	2	4
1:A:22:ARG:CD	1:A:24:ILE:HD11	0.79	2.07	21	2
1:A:107:PHE:CG	1:A:185:LEU:HD21	0.79	2.12	22	1
1:A:130:ILE:HD13	1:A:131:VAL:N	0.79	1.93	9	6
1:A:137:PHE:CD1	1:A:139:LEU:HD23	0.79	2.12	20	2
1:A:67:ASP:C	1:A:68:LEU:HD23	0.79	1.97	2	22
1:A:118:THR:HG23	1:A:204:PRO:HG2	0.79	1.55	15	14
1:A:25:LEU:H	1:A:68:LEU:HD21	0.78	1.36	2	22
1:A:141:LEU:HD11	1:A:183:VAL:CG1	0.78	2.09	7	4
1:A:139:LEU:HD23	1:A:139:LEU:O	0.78	1.77	2	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:142:VAL:HG22	1:A:184:TYR:O	0.78	1.78	18	6
1:A:37:THR:HG21	1:A:88:GLY:O	0.78	1.77	20	1
1:A:125:VAL:HG21	1:A:141:LEU:HD21	0.78	1.53	20	5
1:A:42:LEU:HD12	1:A:82:VAL:O	0.78	1.79	8	21
1:A:158:ILE:HG21	1:A:162:MET:CE	0.78	2.08	17	19
1:A:135:LEU:HD23	1:A:137:PHE:O	0.78	1.79	20	2
1:A:54:VAL:HG23	1:A:59:ALA:HB2	0.77	1.56	20	18
1:A:121:ILE:HG23	1:A:179:TYR:CZ	0.77	2.14	11	19
1:A:137:PHE:CE2	1:A:139:LEU:HD11	0.77	2.14	6	1
1:A:121:ILE:HD12	1:A:179:TYR:CD1	0.77	2.14	18	1
1:A:145:GLU:HG3	1:A:170:ILE:HG21	0.77	1.57	9	14
1:A:123:VAL:CG2	1:A:170:ILE:HD11	0.77	2.10	13	10
1:A:82:VAL:HG22	1:A:96:SER:HB3	0.77	1.55	8	13
1:A:142:VAL:HG11	1:A:184:TYR:CZ	0.77	2.15	4	9
1:A:38:HIS:CE1	1:A:86:PHE:HB2	0.77	2.14	1	8
1:A:184:TYR:CE1	1:A:193:VAL:HG12	0.77	2.15	21	16
1:A:29:LEU:HD21	1:A:83:LEU:HD21	0.77	1.55	3	10
1:A:59:ALA:O	1:A:60:ASN:C	0.77	2.24	7	22
1:A:112:PHE:CG	1:A:183:VAL:HG21	0.77	2.15	7	17
1:A:185:LEU:HD21	1:A:194:ILE:HD12	0.76	1.55	13	1
1:A:27:TRP:CZ3	1:A:83:LEU:HD13	0.76	2.15	20	19
1:A:18:LEU:HD12	1:A:22:ARG:O	0.76	1.80	13	22
1:A:121:ILE:O	1:A:169:ILE:HG23	0.76	1.80	15	20
1:A:121:ILE:HG21	1:A:170:ILE:HD12	0.76	1.58	10	12
1:A:86:PHE:CE2	1:A:91:THR:HG23	0.76	2.16	21	19
1:A:145:GLU:CG	1:A:170:ILE:HD13	0.76	2.09	8	9
1:A:100:TRP:CE2	1:A:103:ILE:HD12	0.76	2.16	11	8
1:A:179:TYR:CE2	1:A:201:THR:HG22	0.76	2.15	3	7
1:A:121:ILE:HD12	1:A:179:TYR:CE1	0.76	2.16	18	1
1:A:25:LEU:HD22	1:A:72:TRP:CZ2	0.75	2.17	18	20
1:A:202:LEU:HD23	1:A:203:LEU:N	0.75	1.97	7	3
1:A:27:TRP:CE3	1:A:41:LEU:HD13	0.75	2.16	13	3
1:A:82:VAL:HG22	1:A:96:SER:HB2	0.75	1.59	1	6
1:A:25:LEU:HD11	1:A:41:LEU:CD1	0.75	2.12	21	17
1:A:75:THR:O	1:A:102:ALA:HB2	0.75	1.82	14	22
1:A:142:VAL:HG12	1:A:144:GLU:OE1	0.75	1.81	3	3
1:A:145:GLU:HG2	1:A:170:ILE:HD13	0.75	1.55	4	1
1:A:182:SER:OG	1:A:198:LEU:HD11	0.75	1.82	18	3
1:A:87:SER:OG	1:A:92:LEU:HD22	0.75	1.82	19	7
1:A:34:ILE:HD11	1:A:92:LEU:CD1	0.75	2.09	12	3
1:A:147:SER:OG	1:A:150:ILE:HD12	0.75	1.81	5	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:158:ILE:HG21	1:A:162:MET:SD	0.75	2.21	14	4
1:A:114:ILE:HG22	1:A:123:VAL:HB	0.75	1.59	7	1
1:A:82:VAL:HG22	1:A:96:SER:OG	0.74	1.80	13	3
1:A:185:LEU:HD13	1:A:185:LEU:N	0.74	1.96	1	2
1:A:146:GLN:HG2	1:A:151:VAL:HG22	0.74	1.59	21	8
1:A:25:LEU:HD11	1:A:41:LEU:CG	0.74	2.13	5	14
1:A:18:LEU:HD22	1:A:105:MET:HE2	0.74	1.60	16	3
1:A:146:GLN:OE1	1:A:151:VAL:HG13	0.74	1.83	18	1
1:A:114:ILE:HG22	1:A:123:VAL:CB	0.74	2.13	7	3
1:A:135:LEU:O	1:A:135:LEU:HD23	0.74	1.83	18	3
1:A:19:ARG:HG3	1:A:24:ILE:HD13	0.74	1.57	15	3
1:A:170:ILE:HG21	1:A:179:TYR:OH	0.74	1.83	13	1
1:A:121:ILE:HB	1:A:179:TYR:CZ	0.74	2.18	18	1
1:A:202:LEU:HD23	1:A:203:LEU:H	0.74	1.42	17	3
1:A:121:ILE:HD11	1:A:173:LEU:HD22	0.74	1.58	13	1
1:A:127:PHE:CZ	1:A:141:LEU:HD23	0.73	2.17	13	1
1:A:170:ILE:O	1:A:173:LEU:HD21	0.73	1.82	17	1
1:A:121:ILE:HB	1:A:179:TYR:CE2	0.73	2.19	18	1
1:A:123:VAL:HG11	1:A:143:ILE:CG2	0.73	2.13	13	12
1:A:105:MET:HB3	1:A:185:LEU:HD11	0.73	1.57	20	3
1:A:145:GLU:HG3	1:A:170:ILE:HD13	0.73	1.57	8	10
1:A:180:CYS:HB3	1:A:198:LEU:CG	0.73	2.12	9	9
1:A:171:ASP:O	1:A:173:LEU:HD12	0.73	1.84	22	1
1:A:142:VAL:HG21	1:A:184:TYR:CZ	0.73	2.19	18	7
1:A:29:LEU:HD11	1:A:83:LEU:HD21	0.73	1.59	22	1
1:A:27:TRP:CE3	1:A:41:LEU:HD23	0.73	2.19	12	17
1:A:139:LEU:HD13	1:A:185:LEU:HD23	0.73	1.60	4	2
1:A:146:GLN:HG3	1:A:151:VAL:HG22	0.73	1.60	6	2
1:A:137:PHE:CD2	1:A:139:LEU:HD23	0.72	2.19	5	3
1:A:184:TYR:CZ	1:A:193:VAL:HG12	0.72	2.19	1	16
1:A:146:GLN:O	1:A:179:TYR:HA	0.72	1.83	17	19
1:A:114:ILE:CG2	1:A:123:VAL:HG13	0.72	2.14	19	15
1:A:147:SER:OG	1:A:177:THR:HG23	0.72	1.84	12	3
1:A:198:LEU:N	1:A:198:LEU:HD22	0.72	1.99	9	1
1:A:143:ILE:HD11	1:A:156:PRO:CG	0.72	2.15	14	6
1:A:105:MET:O	1:A:185:LEU:HD11	0.72	1.84	12	3
1:A:27:TRP:CD1	1:A:29:LEU:HD11	0.72	2.19	6	18
1:A:174:ILE:HD12	1:A:175:PRO:O	0.72	1.85	8	1
1:A:118:THR:O	1:A:203:LEU:HD13	0.71	1.85	1	5
1:A:29:LEU:HD23	1:A:39:TYR:CE1	0.71	2.18	8	4
1:A:180:CYS:O	1:A:198:LEU:HD22	0.71	1.85	13	12

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:202:LEU:HD12	1:A:203:LEU:H	0.71	1.44	16	19
1:A:107:PHE:CD1	1:A:185:LEU:HD22	0.71	2.20	4	3
1:A:147:SER:CB	1:A:177:THR:HG22	0.71	2.15	5	17
1:A:18:LEU:HD22	1:A:105:MET:HG3	0.71	1.62	22	3
1:A:138:ASP:O	1:A:139:LEU:HD12	0.71	1.86	5	2
1:A:44:THR:HG23	1:A:80:VAL:CG2	0.71	2.15	12	20
1:A:143:ILE:N	1:A:143:ILE:CD1	0.71	2.51	21	19
1:A:27:TRP:CD1	1:A:29:LEU:HD21	0.71	2.20	8	6
1:A:185:LEU:HD22	1:A:186:GLU:N	0.71	2.00	12	1
1:A:42:LEU:HD11	1:A:84:GLU:HB2	0.70	1.63	8	20
1:A:16:ILE:HB	1:A:99:PHE:CE1	0.70	2.21	19	2
1:A:81:THR:O	1:A:96:SER:HA	0.70	1.87	19	22
1:A:123:VAL:HG21	1:A:170:ILE:HD11	0.70	1.62	22	11
1:A:34:ILE:HG21	1:A:92:LEU:HD13	0.70	1.62	4	1
1:A:135:LEU:CD1	1:A:137:PHE:O	0.70	2.39	17	2
1:A:107:PHE:HB2	1:A:185:LEU:HD22	0.70	1.64	9	2
1:A:185:LEU:CD2	1:A:194:ILE:HD12	0.70	2.16	13	1
1:A:185:LEU:HD21	1:A:194:ILE:CD1	0.70	2.16	13	1
1:A:141:LEU:HD11	1:A:183:VAL:HG13	0.70	1.62	22	10
1:A:105:MET:HG2	1:A:139:LEU:HD22	0.70	1.63	6	1
1:A:118:THR:CB	1:A:204:PRO:HG2	0.69	2.17	17	22
1:A:27:TRP:CG	1:A:83:LEU:HD22	0.69	2.23	9	2
1:A:86:PHE:CE1	1:A:91:THR:HG22	0.69	2.23	1	1
1:A:117:PHE:O	1:A:203:LEU:HD22	0.69	1.88	6	8
1:A:25:LEU:HD11	1:A:41:LEU:CD2	0.69	2.18	2	17
1:A:25:LEU:HD22	1:A:72:TRP:CH2	0.69	2.22	18	3
1:A:139:LEU:HD12	1:A:162:MET:HE1	0.69	1.64	14	1
1:A:14:PHE:HA	1:A:26:SER:O	0.69	1.88	22	21
1:A:131:VAL:HG23	1:A:134:GLU:HG2	0.69	1.65	3	2
1:A:127:PHE:CZ	1:A:141:LEU:HD13	0.69	2.23	1	5
1:A:43:TYR:N	1:A:52:LEU:HD23	0.69	2.03	13	22
1:A:127:PHE:CE2	1:A:141:LEU:HD13	0.69	2.23	7	4
1:A:122:ASN:OD1	1:A:169:ILE:HD12	0.69	1.87	18	4
1:A:107:PHE:HB2	1:A:185:LEU:HD23	0.69	1.65	7	3
1:A:127:PHE:O	1:A:164:GLY:HA2	0.68	1.88	16	9
1:A:177:THR:HB	1:A:203:LEU:HD21	0.68	1.64	11	4
1:A:142:VAL:HG21	1:A:184:TYR:CE2	0.68	2.24	6	5
1:A:38:HIS:HA	1:A:61:THR:O	0.68	1.89	13	18
1:A:180:CYS:CB	1:A:198:LEU:HG	0.68	2.18	17	4
1:A:22:ARG:HD2	1:A:24:ILE:HD11	0.68	1.64	21	1
1:A:173:LEU:HD13	1:A:203:LEU:HD11	0.68	1.65	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:27:TRP:CZ2	1:A:64:SER:HA	0.68	2.24	17	22
1:A:27:TRP:HB2	1:A:29:LEU:HD11	0.68	1.64	8	3
1:A:25:LEU:HD11	1:A:81:THR:HG21	0.68	1.65	4	2
1:A:37:THR:HG23	1:A:38:HIS:H	0.67	1.48	20	2
1:A:132:GLU:HG3	1:A:135:LEU:HD22	0.67	1.64	20	1
1:A:37:THR:HG23	1:A:38:HIS:N	0.67	2.05	20	22
1:A:118:THR:CG2	1:A:204:PRO:HG2	0.67	2.18	15	14
1:A:118:THR:HG22	1:A:175:PRO:HG3	0.67	1.66	19	4
1:A:118:THR:OG1	1:A:204:PRO:CG	0.67	2.42	22	15
1:A:14:PHE:CE1	1:A:83:LEU:HD23	0.67	2.25	19	19
1:A:125:VAL:CG1	1:A:183:VAL:HG11	0.67	2.20	17	11
1:A:107:PHE:CE2	1:A:185:LEU:HD12	0.67	2.25	13	1
1:A:117:PHE:O	1:A:203:LEU:HD13	0.67	1.89	15	1
1:A:27:TRP:CZ3	1:A:41:LEU:HD23	0.66	2.25	3	15
1:A:68:LEU:CD1	1:A:72:TRP:CD2	0.66	2.77	18	22
1:A:142:VAL:HG13	1:A:154:HIS:O	0.66	1.91	1	4
1:A:42:LEU:HD23	1:A:54:VAL:HG12	0.66	1.66	13	9
1:A:147:SER:OG	1:A:150:ILE:HD11	0.66	1.90	3	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:41:LEU:HD21	0.66	2.21	17	1
1:A:141:LEU:CD2	1:A:183:VAL:HG12	0.66	2.19	21	1
1:A:18:LEU:HA	1:A:22:ARG:O	0.66	1.90	18	20
1:A:46:MET:N	1:A:80:VAL:HG22	0.66	2.04	11	21
1:A:82:VAL:HG22	1:A:96:SER:CB	0.66	2.19	4	20
1:A:121:ILE:CG2	1:A:170:ILE:HD12	0.66	2.19	15	3
1:A:27:TRP:CZ3	1:A:41:LEU:HD13	0.66	2.25	6	2
1:A:72:TRP:HA	1:A:79:TYR:CE2	0.66	2.25	16	16
1:A:118:THR:OG1	1:A:204:PRO:HG3	0.66	1.91	6	15
1:A:139:LEU:HD21	1:A:185:LEU:HD22	0.66	1.68	7	1
1:A:158:ILE:HG21	1:A:162:MET:HE3	0.66	1.67	4	7
1:A:125:VAL:HG13	1:A:183:VAL:HG11	0.66	1.67	21	10
1:A:100:TRP:NE1	1:A:103:ILE:HD12	0.66	2.06	21	8
1:A:121:ILE:HG23	1:A:179:TYR:CE1	0.66	2.25	12	12
1:A:114:ILE:O	1:A:201:THR:HG21	0.66	1.90	7	9
1:A:143:ILE:HG12	1:A:154:HIS:O	0.65	1.90	16	1
1:A:43:TYR:HB2	1:A:81:THR:HG23	0.65	1.68	4	19
1:A:29:LEU:HD13	1:A:39:TYR:CE1	0.65	2.26	15	10
1:A:176:ASN:HA	1:A:202:LEU:HD21	0.65	1.68	7	3
1:A:121:ILE:HD11	1:A:170:ILE:HD13	0.65	1.68	18	1
1:A:18:LEU:HD21	1:A:105:MET:HE3	0.65	1.67	2	1
1:A:25:LEU:HD21	1:A:41:LEU:CD1	0.65	2.22	16	1
1:A:114:ILE:HG22	1:A:123:VAL:CA	0.65	2.22	22	12

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:TRP:CD2	1:A:79:TYR:CD2	0.65	2.85	6	9
1:A:86:PHE:CD1	1:A:86:PHE:N	0.65	2.64	1	14
1:A:147:SER:HB3	1:A:177:THR:HG22	0.65	1.68	19	5
1:A:84:GLU:HG2	1:A:94:SER:CB	0.65	2.21	9	9
1:A:121:ILE:HG21	1:A:170:ILE:CD1	0.65	2.21	10	11
1:A:27:TRP:CD1	1:A:29:LEU:HD12	0.65	2.27	22	1
1:A:145:GLU:HG3	1:A:170:ILE:HD12	0.65	1.69	22	1
1:A:25:LEU:CG	1:A:41:LEU:HD21	0.64	2.22	13	5
1:A:54:VAL:CG2	1:A:59:ALA:HB2	0.64	2.22	10	13
1:A:27:TRP:CG	1:A:29:LEU:HD11	0.64	2.28	6	8
1:A:38:HIS:CE1	1:A:88:GLY:O	0.64	2.50	1	20
1:A:42:LEU:HD23	1:A:54:VAL:HB	0.64	1.67	6	20
1:A:144:GLU:HB2	1:A:182:SER:OG	0.64	1.92	3	2
1:A:107:PHE:CG	1:A:185:LEU:HD11	0.64	2.27	14	2
1:A:34:ILE:HG21	1:A:92:LEU:CD1	0.64	2.23	4	1
1:A:29:LEU:HD11	1:A:83:LEU:CD2	0.64	2.22	20	2
1:A:146:GLN:HG2	1:A:151:VAL:HG12	0.64	1.69	10	3
1:A:130:ILE:HD11	1:A:135:LEU:CD2	0.64	2.22	14	1
1:A:14:PHE:HE1	1:A:83:LEU:HD23	0.64	1.53	21	22
1:A:137:PHE:CD1	1:A:138:ASP:N	0.64	2.65	20	3
1:A:143:ILE:O	1:A:154:HIS:HB2	0.64	1.92	12	22
1:A:23:SER:HB3	1:A:68:LEU:O	0.64	1.92	13	22
1:A:42:LEU:HB2	1:A:82:VAL:O	0.64	1.92	11	17
1:A:18:LEU:HD12	1:A:22:ARG:C	0.63	2.13	17	17
1:A:107:PHE:O	1:A:194:ILE:HG21	0.63	1.93	17	5
1:A:25:LEU:N	1:A:68:LEU:HD21	0.63	2.08	6	20
1:A:28:GLU:C	1:A:29:LEU:HD13	0.63	2.14	8	1
1:A:147:SER:O	1:A:150:ILE:HD13	0.63	1.94	16	6
1:A:135:LEU:O	1:A:135:LEU:HD12	0.63	1.93	21	1
1:A:179:TYR:O	1:A:200:CYS:HA	0.63	1.93	9	22
1:A:92:LEU:HD23	1:A:93:PHE:CE1	0.63	2.29	20	12
1:A:37:THR:HG22	1:A:86:PHE:O	0.63	1.94	20	1
1:A:141:LEU:HD21	1:A:183:VAL:CG1	0.63	2.23	8	4
1:A:142:VAL:HG21	1:A:184:TYR:CE1	0.62	2.28	15	8
1:A:54:VAL:HG13	1:A:54:VAL:O	0.62	1.94	6	2
1:A:158:ILE:HD13	1:A:166:PHE:HZ	0.62	1.54	19	6
1:A:142:VAL:C	1:A:143:ILE:HD13	0.62	2.15	21	6
1:A:121:ILE:HB	1:A:170:ILE:HD12	0.62	1.71	13	1
1:A:100:TRP:CD2	1:A:103:ILE:HD13	0.62	2.30	22	9
1:A:127:PHE:HE1	1:A:141:LEU:HD22	0.62	1.54	18	1
1:A:139:LEU:O	1:A:139:LEU:HD12	0.62	1.95	8	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:198:LEU:N	1:A:198:LEU:CD2	0.62	2.62	9	1
1:A:179:TYR:CE1	1:A:203:LEU:HD11	0.62	2.28	3	1
1:A:179:TYR:CD2	1:A:181:VAL:HG23	0.62	2.29	13	1
1:A:121:ILE:HG23	1:A:179:TYR:CE2	0.62	2.30	6	7
1:A:50:GLU:O	1:A:52:LEU:N	0.62	2.33	13	1
1:A:127:PHE:CE1	1:A:141:LEU:HD22	0.62	2.29	18	1
1:A:78:ALA:HB1	1:A:100:TRP:CE3	0.62	2.30	20	4
1:A:25:LEU:HG	1:A:41:LEU:HD21	0.62	1.72	13	3
1:A:54:VAL:CG2	1:A:54:VAL:O	0.62	2.47	1	17
1:A:139:LEU:HD12	1:A:185:LEU:HD22	0.62	1.72	15	2
1:A:19:ARG:O	1:A:22:ARG:HB3	0.62	1.94	21	2
1:A:148:GLU:HG2	1:A:177:THR:HG23	0.62	1.70	22	4
1:A:11:SER:N	1:A:28:GLU:O	0.62	2.32	8	1
1:A:141:LEU:HD12	1:A:143:ILE:CD1	0.62	2.25	13	5
1:A:27:TRP:CB	1:A:83:LEU:HD22	0.61	2.25	17	22
1:A:147:SER:O	1:A:150:ILE:CD1	0.61	2.48	16	17
1:A:22:ARG:HD3	1:A:24:ILE:HD11	0.61	1.72	3	2
1:A:18:LEU:HD22	1:A:105:MET:SD	0.61	2.35	14	1
1:A:144:GLU:O	1:A:181:VAL:HA	0.61	1.96	20	12
1:A:137:PHE:C	1:A:137:PHE:CD1	0.61	2.73	17	2
1:A:139:LEU:HD21	1:A:162:MET:SD	0.61	2.35	2	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:54:VAL:CB	0.61	2.25	4	18
1:A:177:THR:OG1	1:A:203:LEU:HD11	0.61	1.96	11	4
1:A:27:TRP:CZ2	1:A:64:SER:O	0.61	2.54	4	21
1:A:43:TYR:CE2	1:A:55:VAL:HG22	0.61	2.31	17	18
1:A:142:VAL:HB	1:A:155:LYS:CG	0.61	2.26	12	1
1:A:34:ILE:HG22	1:A:87:SER:OG	0.61	1.95	9	2
1:A:125:VAL:O	1:A:166:PHE:HB2	0.60	1.95	8	19
1:A:141:LEU:HD23	1:A:143:ILE:CD1	0.60	2.26	14	1
1:A:42:LEU:O	1:A:81:THR:HG22	0.60	1.95	10	19
1:A:12:CYS:HA	1:A:29:LEU:HD12	0.60	1.73	8	1
1:A:132:GLU:HA	1:A:135:LEU:HD22	0.60	1.73	16	1
1:A:27:TRP:CZ2	1:A:39:TYR:CD2	0.60	2.89	20	12
1:A:25:LEU:CD1	1:A:81:THR:HG21	0.60	2.26	4	2
1:A:142:VAL:HA	1:A:154:HIS:O	0.60	1.96	9	11
1:A:25:LEU:HD22	1:A:68:LEU:CD2	0.60	2.26	16	2
1:A:184:TYR:CD1	1:A:193:VAL:HG23	0.60	2.31	15	1
1:A:185:LEU:N	1:A:185:LEU:HD12	0.60	2.11	19	3
1:A:114:ILE:HG22	1:A:123:VAL:HG13	0.60	1.73	17	6
1:A:176:ASN:CG	1:A:176:ASN:O	0.60	2.39	18	7
1:A:42:LEU:HD13	1:A:54:VAL:HA	0.60	1.70	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:146:GLN:HA	1:A:150:ILE:O	0.60	1.97	18	21
1:A:147:SER:CB	1:A:179:TYR:HB3	0.60	2.26	21	20
1:A:142:VAL:HG11	1:A:184:TYR:CE1	0.60	2.32	22	5
1:A:123:VAL:CG1	1:A:181:VAL:HG11	0.60	2.27	18	3
1:A:112:PHE:CE2	1:A:183:VAL:HG22	0.60	2.31	21	1
1:A:114:ILE:HG22	1:A:123:VAL:HG22	0.60	1.73	17	6
1:A:72:TRP:CD1	1:A:79:TYR:CE2	0.59	2.90	5	10
1:A:130:ILE:HD11	1:A:135:LEU:CB	0.59	2.27	16	3
1:A:144:GLU:O	1:A:181:VAL:HG13	0.59	1.97	21	1
1:A:79:TYR:HB2	1:A:101:LEU:HD11	0.59	1.74	20	19
1:A:111:GLU:O	1:A:126:LYS:CG	0.59	2.50	17	2
1:A:16:ILE:CD1	1:A:72:TRP:CZ3	0.59	2.85	4	19
1:A:46:MET:HG2	1:A:78:ALA:HB3	0.59	1.74	8	10
1:A:107:PHE:HB2	1:A:185:LEU:HD11	0.59	1.75	1	2
1:A:121:ILE:CD1	1:A:179:TYR:CE1	0.59	2.85	3	8
1:A:127:PHE:CZ	1:A:162:MET:HA	0.59	2.32	14	2
1:A:79:TYR:O	1:A:99:PHE:HB2	0.59	1.97	14	7
1:A:121:ILE:HG13	1:A:173:LEU:HD11	0.59	1.75	7	2
1:A:72:TRP:CH2	1:A:79:TYR:HB3	0.59	2.33	9	15
1:A:203:LEU:O	1:A:205:PRO:HD3	0.59	1.98	16	19
1:A:107:PHE:HB2	1:A:185:LEU:HD13	0.59	1.73	19	3
1:A:142:VAL:HG11	1:A:184:TYR:OH	0.59	1.96	4	4
1:A:145:GLU:CD	1:A:170:ILE:HG21	0.59	2.18	19	2
1:A:170:ILE:O	1:A:173:LEU:HD13	0.59	1.98	22	1
1:A:108:GLU:N	1:A:109:PRO:CD	0.59	2.66	5	8
1:A:121:ILE:HD12	1:A:170:ILE:HB	0.59	1.75	13	14
1:A:142:VAL:HG13	1:A:184:TYR:O	0.59	1.97	17	4
1:A:23:SER:C	1:A:24:ILE:HD12	0.59	2.18	15	2
1:A:182:SER:HB2	1:A:198:LEU:CD1	0.59	2.28	17	2
1:A:42:LEU:CD2	1:A:54:VAL:HG12	0.59	2.27	13	17
1:A:203:LEU:N	1:A:203:LEU:HD13	0.59	2.13	3	1
1:A:44:THR:CG2	1:A:80:VAL:HG23	0.59	2.24	8	3
1:A:121:ILE:CD1	1:A:179:TYR:CE2	0.59	2.86	8	12
1:A:34:ILE:CG2	1:A:92:LEU:HD13	0.59	2.28	8	1
1:A:22:ARG:HB3	1:A:69:THR:HG22	0.58	1.74	11	8
1:A:202:LEU:C	1:A:203:LEU:HD13	0.58	2.17	3	1
1:A:168:TYR:O	1:A:169:ILE:HD13	0.58	1.98	18	2
1:A:124:MET:HG3	1:A:166:PHE:O	0.58	1.97	13	18
1:A:41:LEU:HD22	1:A:83:LEU:HB2	0.58	1.75	5	8
1:A:114:ILE:HG13	1:A:199:LYS:HG2	0.58	1.74	22	3
1:A:175:PRO:HA	1:A:203:LEU:HD12	0.58	1.74	5	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:107:PHE:CE1	1:A:185:LEU:HD12	0.58	2.33	13	1
1:A:144:GLU:HG3	1:A:184:TYR:CE2	0.58	2.34	9	4
1:A:131:VAL:O	1:A:131:VAL:HG13	0.58	1.98	14	3
1:A:68:LEU:HD12	1:A:72:TRP:CG	0.58	2.33	21	21
1:A:182:SER:N	1:A:198:LEU:HD23	0.58	2.13	8	8
1:A:121:ILE:HD13	1:A:179:TYR:CZ	0.58	2.34	13	7
1:A:203:LEU:HD23	1:A:203:LEU:N	0.58	2.13	5	1
1:A:46:MET:HB3	1:A:78:ALA:HB3	0.58	1.75	20	2
1:A:141:LEU:HD23	1:A:185:LEU:HG	0.58	1.76	4	1
1:A:21:PHE:CD1	1:A:130:ILE:HG21	0.58	2.34	20	2
1:A:27:TRP:HB3	1:A:83:LEU:HD22	0.58	1.76	3	20
1:A:29:LEU:HD21	1:A:83:LEU:CD2	0.58	2.27	3	2
1:A:145:GLU:HB2	1:A:170:ILE:HD13	0.58	1.75	19	2
1:A:43:TYR:HB3	1:A:81:THR:HG23	0.58	1.76	4	2
1:A:144:GLU:HB3	1:A:182:SER:OG	0.58	1.98	12	7
1:A:54:VAL:O	1:A:54:VAL:HG22	0.58	1.99	4	19
1:A:185:LEU:HD22	1:A:185:LEU:H	0.58	1.59	1	1
1:A:124:MET:HA	1:A:166:PHE:O	0.58	1.99	2	19
1:A:146:GLN:CG	1:A:151:VAL:HG22	0.58	2.26	21	9
1:A:118:THR:CA	1:A:204:PRO:HG2	0.57	2.29	12	16
1:A:139:LEU:HD12	1:A:162:MET:SD	0.57	2.39	4	2
1:A:176:ASN:HB2	1:A:205:PRO:CB	0.57	2.29	4	10
1:A:84:GLU:CG	1:A:94:SER:HB3	0.57	2.30	4	17
1:A:118:THR:OG1	1:A:204:PRO:HB2	0.57	1.99	4	7
1:A:27:TRP:CE3	1:A:41:LEU:HD12	0.57	2.34	17	1
1:A:107:PHE:CB	1:A:185:LEU:HD21	0.57	2.30	22	1
1:A:104:ASP:O	1:A:105:MET:C	0.57	2.42	13	22
1:A:178:ASN:CA	1:A:202:LEU:HD13	0.57	2.29	20	19
1:A:78:ALA:HB1	1:A:100:TRP:CZ3	0.57	2.35	2	4
1:A:135:LEU:HD21	1:A:137:PHE:CB	0.57	2.30	8	2
1:A:137:PHE:CZ	1:A:139:LEU:HD23	0.57	2.35	18	4
1:A:198:LEU:HD22	1:A:198:LEU:H	0.57	1.59	9	1
1:A:42:LEU:HD13	1:A:54:VAL:CA	0.57	2.29	11	1
1:A:194:ILE:HD12	1:A:194:ILE:N	0.57	2.13	20	1
1:A:40:THR:HG22	1:A:40:THR:O	0.57	1.99	6	7
1:A:72:TRP:CG	1:A:79:TYR:CD2	0.57	2.92	12	13
1:A:107:PHE:CB	1:A:185:LEU:HD13	0.57	2.30	19	2
1:A:35:VAL:HG13	1:A:35:VAL:O	0.57	1.99	22	4
1:A:184:TYR:CG	1:A:193:VAL:HG23	0.57	2.35	15	1
1:A:121:ILE:HD12	1:A:179:TYR:CG	0.57	2.35	18	1
1:A:34:ILE:HD12	1:A:34:ILE:O	0.57	1.99	22	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:173:LEU:HD21	1:A:179:TYR:OH	0.57	2.00	22	1
1:A:121:ILE:HG23	1:A:179:TYR:OH	0.57	2.00	21	19
1:A:161:ASN:HB3	1:A:166:PHE:CE2	0.56	2.35	13	19
1:A:75:THR:HG21	1:A:137:PHE:CZ	0.56	2.35	9	1
1:A:131:VAL:HG23	1:A:134:GLU:CG	0.56	2.30	16	3
1:A:184:TYR:CD2	1:A:193:VAL:HG12	0.56	2.35	12	1
1:A:178:ASN:N	1:A:202:LEU:CD1	0.56	2.68	20	16
1:A:121:ILE:CD1	1:A:170:ILE:HD13	0.56	2.30	18	1
1:A:72:TRP:CD2	1:A:79:TYR:CG	0.56	2.94	4	17
1:A:156:PRO:HG3	1:A:168:TYR:CD2	0.56	2.36	7	15
1:A:180:CYS:HA	1:A:199:LYS:O	0.56	2.01	20	9
1:A:108:GLU:H	1:A:109:PRO:CD	0.56	2.14	5	1
1:A:142:VAL:HB	1:A:154:HIS:O	0.56	2.01	21	5
1:A:158:ILE:HG21	1:A:162:MET:HE2	0.56	1.76	19	4
1:A:45:ILE:HD13	1:A:45:ILE:N	0.56	2.15	19	2
1:A:72:TRP:HE3	1:A:101:LEU:HD21	0.56	1.60	15	16
1:A:86:PHE:HD2	1:A:91:THR:HG23	0.56	1.54	6	1
1:A:27:TRP:CD1	1:A:29:LEU:CD1	0.56	2.89	22	12
1:A:127:PHE:HZ	1:A:141:LEU:HD23	0.56	1.57	13	1
1:A:174:ILE:HD13	1:A:174:ILE:H	0.56	1.61	17	1
1:A:123:VAL:HG11	1:A:143:ILE:HG21	0.56	1.78	5	3
1:A:142:VAL:HG11	1:A:184:TYR:CE2	0.56	2.36	12	1
1:A:81:THR:OG1	1:A:99:PHE:CE1	0.56	2.54	20	10
1:A:18:LEU:HD22	1:A:105:MET:CE	0.56	2.31	8	1
1:A:141:LEU:HD21	1:A:183:VAL:HG13	0.56	1.77	15	1
1:A:131:VAL:HG23	1:A:134:GLU:HG3	0.56	1.77	16	1
1:A:25:LEU:HD21	1:A:41:LEU:HD11	0.56	1.76	2	4
1:A:144:GLU:CB	1:A:182:SER:OG	0.56	2.54	12	3
1:A:161:ASN:CB	1:A:166:PHE:CE2	0.56	2.89	4	7
1:A:29:LEU:CD2	1:A:39:TYR:CE1	0.56	2.89	8	5
1:A:45:ILE:HD12	1:A:48:LYS:HD3	0.56	1.78	6	1
1:A:168:TYR:CE1	1:A:170:ILE:HD13	0.56	2.36	22	1
1:A:29:LEU:CD2	1:A:83:LEU:HD21	0.55	2.31	15	8
1:A:112:PHE:CD2	1:A:125:VAL:HG22	0.55	2.36	21	1
1:A:21:PHE:CE2	1:A:130:ILE:HG21	0.55	2.36	2	1
1:A:92:LEU:HD23	1:A:93:PHE:CD1	0.55	2.37	22	4
1:A:125:VAL:O	1:A:165:ASN:HA	0.55	2.02	16	1
1:A:31:ASN:HB3	1:A:35:VAL:HG12	0.55	1.78	3	1
1:A:20:ASN:O	1:A:21:PHE:CD1	0.55	2.59	10	8
1:A:105:MET:HB3	1:A:185:LEU:HD21	0.55	1.78	6	2
1:A:185:LEU:CD2	1:A:194:ILE:HD13	0.55	2.31	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:146:GLN:CG	1:A:151:VAL:HG12	0.55	2.30	10	3
1:A:121:ILE:HD13	1:A:179:TYR:CE2	0.55	2.37	13	11
1:A:173:LEU:HD23	1:A:177:THR:HG21	0.55	1.77	16	4
1:A:121:ILE:CB	1:A:170:ILE:HD12	0.55	2.31	13	1
1:A:54:VAL:HG22	1:A:59:ALA:HB2	0.55	1.77	22	1
1:A:114:ILE:CG1	1:A:199:LYS:HB3	0.55	2.32	1	4
1:A:147:SER:HB3	1:A:179:TYR:HB3	0.55	1.78	2	3
1:A:54:VAL:O	1:A:54:VAL:CG2	0.55	2.55	3	2
1:A:29:LEU:HD11	1:A:83:LEU:HD23	0.55	1.76	9	2
1:A:27:TRP:CE2	1:A:64:SER:HA	0.55	2.35	17	22
1:A:107:PHE:HB2	1:A:185:LEU:HD21	0.55	1.78	1	1
1:A:114:ILE:HD12	1:A:201:THR:HB	0.54	1.79	20	16
1:A:72:TRP:CD1	1:A:79:TYR:CE1	0.54	2.95	22	4
1:A:21:PHE:CE1	1:A:130:ILE:HG21	0.54	2.38	20	2
1:A:123:VAL:HG13	1:A:181:VAL:HG11	0.54	1.77	18	1
1:A:68:LEU:CD1	1:A:72:TRP:CG	0.54	2.91	13	22
1:A:135:LEU:HD12	1:A:138:ASP:N	0.54	2.18	4	3
1:A:185:LEU:HD22	1:A:185:LEU:C	0.54	2.22	12	1
1:A:29:LEU:N	1:A:29:LEU:CD1	0.54	2.60	8	8
1:A:100:TRP:CE3	1:A:103:ILE:HD13	0.54	2.38	5	10
1:A:100:TRP:CZ3	1:A:103:ILE:HD13	0.54	2.38	18	5
1:A:107:PHE:CZ	1:A:139:LEU:HD13	0.54	2.38	5	1
1:A:145:GLU:OE2	1:A:173:LEU:HD21	0.54	2.02	14	5
1:A:87:SER:HG	1:A:92:LEU:HD22	0.54	1.60	10	1
1:A:42:LEU:CB	1:A:82:VAL:O	0.54	2.55	11	1
1:A:141:LEU:HD22	1:A:142:VAL:H	0.54	1.63	21	2
1:A:25:LEU:CD2	1:A:72:TRP:CZ2	0.54	2.90	14	14
1:A:139:LEU:HD23	1:A:139:LEU:C	0.54	2.22	2	2
1:A:18:LEU:O	1:A:107:PHE:HA	0.54	2.01	5	4
1:A:179:TYR:CE1	1:A:201:THR:CG2	0.54	2.88	21	4
1:A:29:LEU:HG	1:A:93:PHE:CE2	0.54	2.38	20	4
1:A:121:ILE:HD12	1:A:179:TYR:CZ	0.54	2.37	18	1
1:A:107:PHE:CD2	1:A:185:LEU:HD21	0.54	2.37	22	1
1:A:45:ILE:O	1:A:48:LYS:N	0.54	2.41	22	22
1:A:168:TYR:CD1	1:A:169:ILE:N	0.54	2.76	13	14
1:A:131:VAL:HG22	1:A:133:GLU:HB2	0.54	1.79	2	2
1:A:182:SER:OG	1:A:198:LEU:CD2	0.54	2.55	6	3
1:A:85:GLY:O	1:A:93:PHE:CE1	0.54	2.61	9	2
1:A:158:ILE:HG22	1:A:158:ILE:O	0.54	2.02	16	3
1:A:135:LEU:HD11	1:A:137:PHE:O	0.54	2.02	17	1
1:A:125:VAL:O	1:A:166:PHE:N	0.54	2.40	16	21

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:130:ILE:HD13	1:A:131:VAL:C	0.54	2.23	15	3
1:A:27:TRP:CD2	1:A:83:LEU:HD22	0.54	2.37	9	2
1:A:72:TRP:CE3	1:A:101:LEU:HD21	0.54	2.38	4	12
1:A:120:HIS:HA	1:A:173:LEU:HD23	0.54	1.80	17	1
1:A:135:LEU:HD11	1:A:138:ASP:HA	0.54	1.78	17	1
1:A:158:ILE:HG23	1:A:162:MET:HG3	0.54	1.77	20	1
1:A:27:TRP:CE3	1:A:83:LEU:CD1	0.54	2.89	4	15
1:A:35:VAL:HG23	1:A:35:VAL:O	0.54	2.02	12	1
1:A:196:SER:CB	1:A:197:PRO:CD	0.54	2.86	18	1
1:A:184:TYR:CD1	1:A:193:VAL:HG12	0.54	2.37	21	1
1:A:14:PHE:CE1	1:A:83:LEU:HB3	0.54	2.38	11	20
1:A:16:ILE:HD12	1:A:99:PHE:CD2	0.54	2.38	14	16
1:A:43:TYR:HE2	1:A:55:VAL:HG22	0.54	1.62	10	17
1:A:135:LEU:HD12	1:A:137:PHE:O	0.54	2.03	1	1
1:A:121:ILE:HG12	1:A:179:TYR:CE2	0.54	2.37	20	12
1:A:43:TYR:O	1:A:52:LEU:HA	0.53	2.03	10	13
1:A:85:GLY:HA3	1:A:93:PHE:CE1	0.53	2.39	1	14
1:A:202:LEU:C	1:A:203:LEU:HD12	0.53	2.24	13	1
1:A:72:TRP:CE2	1:A:79:TYR:CD2	0.53	2.96	5	10
1:A:185:LEU:N	1:A:185:LEU:CD1	0.53	2.69	1	3
1:A:185:LEU:C	1:A:185:LEU:HD12	0.53	2.22	17	3
1:A:21:PHE:CE2	1:A:128:PRO:HG2	0.53	2.38	4	8
1:A:121:ILE:CD1	1:A:173:LEU:HD22	0.53	2.30	13	1
1:A:139:LEU:CD1	1:A:162:MET:CE	0.53	2.86	11	3
1:A:184:TYR:CE2	1:A:193:VAL:HG23	0.53	2.39	13	1
1:A:132:GLU:CA	1:A:135:LEU:HD22	0.53	2.34	16	1
1:A:132:GLU:CB	1:A:135:LEU:CD2	0.53	2.85	21	1
1:A:121:ILE:CD1	1:A:179:TYR:CD2	0.53	2.91	20	12
1:A:17:SER:OG	1:A:24:ILE:HB	0.53	2.04	6	2
1:A:139:LEU:HD12	1:A:162:MET:CE	0.53	2.33	16	4
1:A:145:GLU:HA	1:A:181:VAL:HG22	0.53	1.79	13	1
1:A:132:GLU:CG	1:A:135:LEU:HD22	0.53	2.34	20	1
1:A:116:GLY:CA	1:A:179:TYR:OH	0.53	2.57	12	20
1:A:180:CYS:O	1:A:198:LEU:CD2	0.53	2.56	13	10
1:A:193:VAL:HG13	1:A:193:VAL:O	0.53	2.04	13	2
1:A:143:ILE:N	1:A:154:HIS:O	0.53	2.41	15	15
1:A:43:TYR:CD1	1:A:79:TYR:CE1	0.53	2.96	14	7
1:A:180:CYS:CB	1:A:198:LEU:CG	0.53	2.87	17	4
1:A:27:TRP:CH2	1:A:64:SER:O	0.53	2.62	4	22
1:A:87:SER:N	1:A:90:THR:O	0.53	2.42	9	22
1:A:137:PHE:CG	1:A:139:LEU:HD22	0.53	2.39	12	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:127:PHE:CD1	1:A:162:MET:HG2	0.53	2.39	10	2
1:A:135:LEU:HD13	1:A:137:PHE:O	0.53	2.04	21	1
1:A:177:THR:C	1:A:202:LEU:CD1	0.53	2.77	13	6
1:A:27:TRP:CG	1:A:83:LEU:CD2	0.53	2.91	9	2
1:A:25:LEU:HD21	1:A:41:LEU:CD2	0.53	2.32	17	1
1:A:140:SER:HA	1:A:158:ILE:HG13	0.53	1.79	1	9
1:A:171:ASP:C	1:A:173:LEU:HD12	0.53	2.24	10	8
1:A:104:ASP:O	1:A:105:MET:O	0.53	2.25	18	3
1:A:114:ILE:CD1	1:A:201:THR:HG22	0.53	2.22	22	1
1:A:72:TRP:CA	1:A:79:TYR:CE2	0.53	2.92	8	8
1:A:142:VAL:HG21	1:A:186:GLU:CG	0.53	2.33	14	3
1:A:106:SER:HA	1:A:194:ILE:HG21	0.53	1.80	11	1
1:A:72:TRP:CG	1:A:79:TYR:CE2	0.52	2.97	19	8
1:A:106:SER:CB	1:A:194:ILE:HD13	0.52	2.34	13	1
1:A:131:VAL:HG23	1:A:131:VAL:O	0.52	2.04	16	1
1:A:43:TYR:CD1	1:A:43:TYR:C	0.52	2.82	18	18
1:A:43:TYR:CE1	1:A:79:TYR:HE2	0.52	2.23	2	5
1:A:180:CYS:HB2	1:A:198:LEU:CD2	0.52	2.34	18	4
1:A:72:TRP:CZ2	1:A:81:THR:CG2	0.52	2.92	19	3
1:A:127:PHE:O	1:A:164:GLY:CA	0.52	2.58	16	16
1:A:107:PHE:CB	1:A:185:LEU:HD22	0.52	2.33	9	1
1:A:18:LEU:HD22	1:A:105:MET:HE1	0.52	1.80	12	1
1:A:140:SER:HA	1:A:162:MET:HE1	0.52	1.80	16	1
1:A:78:ALA:HA	1:A:99:PHE:O	0.52	2.04	7	17
1:A:118:THR:OG1	1:A:204:PRO:HG2	0.52	2.04	18	9
1:A:121:ILE:CG2	1:A:179:TYR:CE2	0.52	2.93	9	7
1:A:121:ILE:CD1	1:A:179:TYR:CD1	0.52	2.92	9	7
1:A:143:ILE:CD1	1:A:156:PRO:CD	0.52	2.87	12	17
1:A:21:PHE:CE1	1:A:130:ILE:CG2	0.52	2.93	10	2
1:A:105:MET:HG2	1:A:139:LEU:HD13	0.52	1.81	1	1
1:A:121:ILE:HG12	1:A:179:TYR:CE1	0.52	2.39	9	7
1:A:44:THR:HB	1:A:52:LEU:HA	0.52	1.81	11	11
1:A:21:PHE:CD2	1:A:21:PHE:O	0.52	2.62	8	5
1:A:25:LEU:HD12	1:A:41:LEU:HD11	0.52	1.78	17	2
1:A:180:CYS:HB2	1:A:198:LEU:HD23	0.52	1.82	12	4
1:A:121:ILE:CG2	1:A:170:ILE:O	0.52	2.51	18	1
1:A:132:GLU:HA	1:A:135:LEU:HD13	0.52	1.81	11	2
1:A:107:PHE:N	1:A:194:ILE:HG21	0.52	2.20	16	2
1:A:135:LEU:HD12	1:A:135:LEU:C	0.52	2.25	21	1
1:A:139:LEU:O	1:A:162:MET:HE1	0.52	2.05	16	1
1:A:111:GLU:HB3	1:A:126:LYS:HB2	0.52	1.81	21	10

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:145:GLU:HG3	1:A:170:ILE:CD1	0.52	2.34	10	7
1:A:179:TYR:HE1	1:A:203:LEU:HD11	0.52	1.65	3	1
1:A:27:TRP:HE3	1:A:41:LEU:HD12	0.52	1.64	17	1
1:A:170:ILE:HG22	1:A:173:LEU:CD1	0.52	2.30	18	1
1:A:18:LEU:HD21	1:A:105:MET:SD	0.52	2.45	5	2
1:A:114:ILE:CG2	1:A:123:VAL:HG22	0.52	2.35	17	6
1:A:146:GLN:CG	1:A:151:VAL:HG13	0.52	2.35	13	1
1:A:142:VAL:CG1	1:A:184:TYR:CZ	0.51	2.90	4	6
1:A:141:LEU:HD11	1:A:183:VAL:HG12	0.51	1.82	7	1
1:A:107:PHE:CB	1:A:194:ILE:HD13	0.51	2.35	11	1
1:A:113:GLU:HA	1:A:199:LYS:CD	0.51	2.35	15	9
1:A:19:ARG:HG3	1:A:24:ILE:HD12	0.51	1.80	4	1
1:A:138:ASP:O	1:A:139:LEU:O	0.51	2.28	4	2
1:A:156:PRO:HG3	1:A:168:TYR:CD1	0.51	2.40	5	1
1:A:75:THR:HG21	1:A:137:PHE:HB3	0.51	1.83	6	2
1:A:179:TYR:HD1	1:A:181:VAL:HG23	0.51	1.65	21	7
1:A:201:THR:HG23	1:A:201:THR:O	0.51	2.05	13	1
1:A:39:TYR:O	1:A:60:ASN:N	0.51	2.44	1	18
1:A:137:PHE:O	1:A:137:PHE:CD1	0.51	2.63	1	6
1:A:137:PHE:CE2	1:A:139:LEU:CD1	0.51	2.92	6	1
1:A:112:PHE:CE1	1:A:199:LYS:HG3	0.51	2.40	8	1
1:A:13:THR:O	1:A:28:GLU:N	0.51	2.44	10	20
1:A:72:TRP:CE2	1:A:79:TYR:CD1	0.51	2.98	7	3
1:A:180:CYS:CB	1:A:198:LEU:HB3	0.51	2.36	19	4
1:A:34:ILE:HD13	1:A:34:ILE:N	0.51	2.20	17	1
1:A:107:PHE:CB	1:A:185:LEU:HD11	0.51	2.35	1	1
1:A:141:LEU:HB3	1:A:158:ILE:CD1	0.51	2.36	20	9
1:A:116:GLY:HA3	1:A:203:LEU:HD12	0.51	1.82	3	1
1:A:142:VAL:N	1:A:184:TYR:O	0.51	2.43	19	3
1:A:147:SER:OG	1:A:177:THR:HG22	0.51	2.06	16	5
1:A:27:TRP:CD1	1:A:29:LEU:CD2	0.51	2.91	8	1
1:A:111:GLU:O	1:A:126:LYS:CB	0.51	2.59	8	1
1:A:106:SER:HB3	1:A:194:ILE:HD13	0.51	1.82	13	1
1:A:137:PHE:CE2	1:A:139:LEU:CD2	0.51	2.94	16	1
1:A:57:ASN:O	1:A:58:CYS:SG	0.51	2.68	19	1
1:A:114:ILE:HG23	1:A:123:VAL:HG13	0.51	1.81	22	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:54:VAL:CG1	0.51	2.34	13	18
1:A:132:GLU:O	1:A:135:LEU:HD22	0.51	2.05	17	6
1:A:121:ILE:CG2	1:A:179:TYR:CE1	0.51	2.94	12	11
1:A:182:SER:OG	1:A:198:LEU:HD23	0.51	2.05	6	2
1:A:114:ILE:CG1	1:A:199:LYS:HG2	0.51	2.36	14	13

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:154:HIS:CD2	1:A:170:ILE:HG23	0.51	2.40	16	1
1:A:20:ASN:O	1:A:21:PHE:CG	0.51	2.64	4	13
1:A:12:CYS:CB	1:A:14:PHE:CZ	0.51	2.94	9	2
1:A:135:LEU:HG	1:A:137:PHE:H	0.51	1.66	18	2
1:A:57:ASN:O	1:A:58:CYS:CB	0.51	2.59	19	1
1:A:93:PHE:N	1:A:93:PHE:CD1	0.51	2.78	21	1
1:A:100:TRP:O	1:A:104:ASP:N	0.50	2.44	22	22
1:A:141:LEU:HD23	1:A:143:ILE:HD12	0.50	1.82	14	1
1:A:81:THR:OG1	1:A:99:PHE:CE2	0.50	2.64	18	2
1:A:184:TYR:CD2	1:A:193:VAL:HG23	0.50	2.40	13	1
1:A:14:PHE:CA	1:A:26:SER:O	0.50	2.60	22	4
1:A:107:PHE:H	1:A:194:ILE:HG21	0.50	1.66	20	2
1:A:16:ILE:CG1	1:A:99:PHE:CE1	0.50	2.94	18	1
1:A:180:CYS:HB3	1:A:198:LEU:CB	0.50	2.37	14	11
1:A:141:LEU:HD13	1:A:141:LEU:C	0.50	2.25	3	5
1:A:154:HIS:NE2	1:A:170:ILE:HG23	0.50	2.21	5	1
1:A:132:GLU:O	1:A:134:GLU:N	0.50	2.44	15	4
1:A:147:SER:CB	1:A:179:TYR:CE1	0.50	2.93	13	2
1:A:201:THR:CG2	1:A:201:THR:O	0.50	2.59	13	2
1:A:62:THR:O	1:A:62:THR:OG1	0.50	2.29	1	17
1:A:72:TRP:CD1	1:A:79:TYR:CD2	0.50	3.00	5	6
1:A:161:ASN:CB	1:A:166:PHE:CZ	0.50	2.95	21	7
1:A:12:CYS:HA	1:A:29:LEU:HD23	0.50	1.83	22	1
1:A:127:PHE:CD2	1:A:162:MET:HG2	0.50	2.42	11	6
1:A:161:ASN:HB3	1:A:166:PHE:CZ	0.50	2.41	21	14
1:A:27:TRP:HE3	1:A:41:LEU:HD23	0.50	1.63	7	7
1:A:141:LEU:HB2	1:A:162:MET:HE2	0.50	1.82	13	1
1:A:130:ILE:HD11	1:A:135:LEU:HB3	0.50	1.82	16	1
1:A:107:PHE:CD2	1:A:185:LEU:CD2	0.50	2.94	21	1
1:A:72:TRP:CH2	1:A:99:PHE:CD2	0.50	3.00	12	17
1:A:174:ILE:O	1:A:177:THR:OG1	0.50	2.29	8	11
1:A:139:LEU:CD1	1:A:185:LEU:HD22	0.50	2.37	2	2
1:A:137:PHE:C	1:A:137:PHE:HD1	0.50	2.09	6	1
1:A:141:LEU:HD23	1:A:142:VAL:N	0.50	2.22	11	1
1:A:139:LEU:HD13	1:A:185:LEU:HD13	0.50	1.82	14	1
1:A:123:VAL:CG2	1:A:170:ILE:HD12	0.50	2.37	18	2
1:A:27:TRP:HB2	1:A:29:LEU:CD1	0.50	2.37	6	10
1:A:112:PHE:CD1	1:A:112:PHE:C	0.50	2.84	22	11
1:A:27:TRP:NE1	1:A:29:LEU:HD11	0.50	2.21	12	10
1:A:29:LEU:CD1	1:A:39:TYR:CZ	0.50	2.94	12	8
1:A:125:VAL:HG21	1:A:141:LEU:HD11	0.50	1.84	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:ILE:HD12	1:A:34:ILE:C	0.50	2.27	22	1
1:A:115:VAL:O	1:A:122:ASN:HB2	0.50	2.06	5	8
1:A:139:LEU:HD12	1:A:139:LEU:C	0.50	2.27	8	2
1:A:72:TRP:CB	1:A:79:TYR:CE2	0.50	2.95	19	4
1:A:107:PHE:CD1	1:A:185:LEU:HD11	0.50	2.42	14	2
1:A:114:ILE:HD11	1:A:179:TYR:O	0.50	2.07	22	1
1:A:22:ARG:HG2	1:A:69:THR:HG23	0.50	1.83	19	3
1:A:158:ILE:O	1:A:160:GLY:N	0.50	2.45	16	12
1:A:44:THR:HB	1:A:52:LEU:HG	0.50	1.84	8	17
1:A:25:LEU:HD23	1:A:25:LEU:C	0.50	2.27	4	2
1:A:81:THR:OG1	1:A:99:PHE:CD1	0.49	2.65	12	10
1:A:138:ASP:C	1:A:139:LEU:HG	0.49	2.26	4	2
1:A:60:ASN:O	1:A:60:ASN:CG	0.49	2.51	15	6
1:A:39:TYR:CD1	1:A:39:TYR:N	0.49	2.80	9	2
1:A:125:VAL:H	1:A:166:PHE:HB3	0.49	1.67	11	2
1:A:137:PHE:CD2	1:A:139:LEU:HD22	0.49	2.41	12	1
1:A:107:PHE:CB	1:A:185:LEU:HD23	0.49	2.36	17	1
1:A:123:VAL:HG11	1:A:181:VAL:HG11	0.49	1.83	19	1
1:A:29:LEU:HD22	1:A:93:PHE:CZ	0.49	2.42	12	8
1:A:182:SER:HB3	1:A:195:LYS:HG3	0.49	1.83	22	1
1:A:121:ILE:HB	1:A:170:ILE:HB	0.49	1.84	15	7
1:A:180:CYS:C	1:A:198:LEU:HG	0.49	2.27	20	4
1:A:46:MET:CG	1:A:78:ALA:HB3	0.49	2.37	8	10
1:A:42:LEU:CD1	1:A:84:GLU:HG3	0.49	2.36	20	4
1:A:203:LEU:HD12	1:A:203:LEU:N	0.49	2.22	13	1
1:A:18:LEU:HD22	1:A:105:MET:HE3	0.49	1.84	18	1
1:A:147:SER:CA	1:A:179:TYR:HB3	0.49	2.37	21	18
1:A:78:ALA:CB	1:A:100:TRP:CZ3	0.49	2.96	20	3
1:A:42:LEU:HD13	1:A:84:GLU:OE2	0.49	2.08	7	1
1:A:178:ASN:HB3	1:A:202:LEU:HD12	0.49	1.85	17	3
1:A:72:TRP:CD1	1:A:79:TYR:CZ	0.49	3.00	18	1
1:A:26:SER:HB2	1:A:65:PHE:HB3	0.49	1.85	17	12
1:A:143:ILE:HG12	1:A:156:PRO:HD3	0.49	1.84	14	11
1:A:179:TYR:HE2	1:A:203:LEU:HD21	0.49	1.67	10	3
1:A:42:LEU:HD21	1:A:54:VAL:HB	0.49	1.83	11	1
1:A:107:PHE:CD2	1:A:110:PRO:HG2	0.49	2.43	11	3
1:A:112:PHE:CD2	1:A:183:VAL:CG2	0.49	2.96	21	1
1:A:20:ASN:O	1:A:21:PHE:CD2	0.49	2.65	13	13
1:A:46:MET:HE2	1:A:78:ALA:HB3	0.49	1.84	1	2
1:A:108:GLU:C	1:A:110:PRO:HD2	0.49	2.28	21	3
1:A:130:ILE:HD11	1:A:135:LEU:HD21	0.49	1.84	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:TRP:HH2	1:A:99:PHE:CD2	0.49	2.26	19	2
1:A:25:LEU:HD22	1:A:68:LEU:HD22	0.49	1.85	16	2
1:A:141:LEU:CB	1:A:158:ILE:CD1	0.49	2.90	15	5
1:A:137:PHE:CD1	1:A:139:LEU:HG	0.49	2.42	6	1
1:A:114:ILE:HG21	1:A:181:VAL:CB	0.49	2.38	7	3
1:A:123:VAL:HG21	1:A:170:ILE:CD1	0.49	2.37	17	2
1:A:21:PHE:O	1:A:21:PHE:CD1	0.49	2.65	13	12
1:A:76:HIS:HA	1:A:102:ALA:HB2	0.49	1.85	12	5
1:A:27:TRP:CE2	1:A:64:SER:O	0.49	2.65	4	5
1:A:185:LEU:HG	1:A:194:ILE:HD13	0.49	1.85	17	2
1:A:42:LEU:CD1	1:A:54:VAL:CA	0.49	2.91	11	1
1:A:18:LEU:CD2	1:A:107:PHE:CE1	0.48	2.95	3	2
1:A:72:TRP:HA	1:A:79:TYR:CE1	0.48	2.42	21	5
1:A:25:LEU:HD23	1:A:68:LEU:CD2	0.48	2.38	17	5
1:A:142:VAL:HG21	1:A:186:GLU:HG2	0.48	1.84	15	1
1:A:126:LYS:HA	1:A:164:GLY:O	0.48	2.08	8	4
1:A:146:GLN:CD	1:A:151:VAL:HG22	0.48	2.28	13	1
1:A:179:TYR:CZ	1:A:201:THR:CG2	0.48	2.96	21	1
1:A:132:GLU:CB	1:A:135:LEU:HG	0.48	2.38	15	1
1:A:135:LEU:HD13	1:A:137:PHE:HB2	0.48	1.85	15	1
1:A:146:GLN:HG3	1:A:151:VAL:HG12	0.48	1.83	5	1
1:A:11:SER:O	1:A:12:CYS:CB	0.48	2.60	8	1
1:A:27:TRP:CZ3	1:A:83:LEU:CD1	0.48	2.95	20	1
1:A:179:TYR:HE1	1:A:203:LEU:HD23	0.48	1.68	2	2
1:A:72:TRP:CZ3	1:A:79:TYR:CB	0.48	2.96	9	13
1:A:145:GLU:CG	1:A:170:ILE:HG21	0.48	2.37	4	3
1:A:154:HIS:CG	1:A:168:TYR:HH	0.48	2.27	21	1
1:A:16:ILE:HD12	1:A:72:TRP:CZ3	0.48	2.44	20	18
1:A:114:ILE:HG12	1:A:199:LYS:CB	0.48	2.39	1	4
1:A:142:VAL:CG1	1:A:154:HIS:O	0.48	2.61	1	1
1:A:143:ILE:CD1	1:A:156:PRO:HD2	0.48	2.38	4	8
1:A:18:LEU:HD21	1:A:105:MET:CE	0.48	2.39	3	1
1:A:114:ILE:CD1	1:A:199:LYS:O	0.48	2.60	21	8
1:A:144:GLU:HA	1:A:152:LYS:O	0.48	2.08	22	3
1:A:31:ASN:ND2	1:A:35:VAL:HG23	0.48	2.23	10	1
1:A:145:GLU:HB2	1:A:179:TYR:CZ	0.48	2.43	13	1
1:A:37:THR:CG2	1:A:38:HIS:N	0.48	2.73	20	22
1:A:132:GLU:C	1:A:134:GLU:N	0.48	2.67	15	7
1:A:43:TYR:CE1	1:A:79:TYR:CE1	0.48	3.01	14	5
1:A:131:VAL:HG12	1:A:133:GLU:HB2	0.48	1.85	15	4
1:A:146:GLN:HG2	1:A:151:VAL:HG13	0.48	1.85	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:68:LEU:HD13	1:A:72:TRP:CD2	0.48	2.43	2	4
1:A:85:GLY:O	1:A:93:PHE:CD1	0.48	2.67	8	14
1:A:100:TRP:CZ3	1:A:102:ALA:HB3	0.48	2.43	21	6
1:A:18:LEU:HD23	1:A:107:PHE:HD1	0.48	1.67	5	1
1:A:25:LEU:HD11	1:A:41:LEU:HG	0.48	1.84	11	2
1:A:107:PHE:CD1	1:A:185:LEU:CD2	0.48	2.97	6	3
1:A:142:VAL:HG23	1:A:154:HIS:O	0.48	2.09	22	2
1:A:127:PHE:CE2	1:A:141:LEU:HD23	0.48	2.44	13	1
1:A:29:LEU:HG	1:A:93:PHE:CZ	0.48	2.43	1	7
1:A:117:PHE:CD2	1:A:120:HIS:NE2	0.48	2.82	4	11
1:A:130:ILE:HD13	1:A:130:ILE:C	0.48	2.29	16	12
1:A:114:ILE:CD1	1:A:201:THR:HB	0.48	2.38	18	11
1:A:142:VAL:CG2	1:A:184:TYR:CE2	0.48	2.97	18	3
1:A:130:ILE:HD11	1:A:135:LEU:CD1	0.48	2.38	9	2
1:A:46:MET:O	1:A:49:PRO:HD3	0.48	2.08	9	11
1:A:127:PHE:CG	1:A:162:MET:HG2	0.48	2.44	1	7
1:A:179:TYR:HD2	1:A:181:VAL:HG23	0.48	1.69	2	3
1:A:139:LEU:HD12	1:A:162:MET:HE3	0.48	1.85	18	2
1:A:50:GLU:O	1:A:51:ASP:C	0.48	2.51	13	1
1:A:145:GLU:HG3	1:A:152:LYS:CB	0.48	2.38	13	1
1:A:178:ASN:HA	1:A:202:LEU:HA	0.48	1.86	22	2
1:A:112:PHE:CG	1:A:183:VAL:CG2	0.47	2.95	22	7
1:A:18:LEU:N	1:A:106:SER:O	0.47	2.44	17	4
1:A:139:LEU:HD21	1:A:185:LEU:HD13	0.47	1.84	22	1
1:A:18:LEU:CD2	1:A:105:MET:HG3	0.47	2.38	6	3
1:A:23:SER:O	1:A:68:LEU:N	0.47	2.46	21	22
1:A:114:ILE:HG21	1:A:181:VAL:HG11	0.47	1.85	12	2
1:A:27:TRP:CE2	1:A:39:TYR:CD2	0.47	3.01	20	2
1:A:121:ILE:CD1	1:A:179:TYR:CZ	0.47	2.97	13	1
1:A:41:LEU:HD12	1:A:83:LEU:HB2	0.47	1.85	6	3
1:A:121:ILE:HD13	1:A:179:TYR:CD2	0.47	2.44	11	7
1:A:81:THR:O	1:A:96:SER:CA	0.47	2.62	12	9
1:A:137:PHE:CE1	1:A:139:LEU:HD23	0.47	2.45	11	2
1:A:38:HIS:CD2	1:A:60:ASN:ND2	0.47	2.82	14	1
1:A:18:LEU:O	1:A:107:PHE:CD1	0.47	2.67	18	1
1:A:23:SER:CB	1:A:68:LEU:O	0.47	2.62	15	20
1:A:100:TRP:O	1:A:104:ASP:CB	0.47	2.62	12	19
1:A:112:PHE:CD2	1:A:183:VAL:HG21	0.47	2.43	19	6
1:A:171:ASP:O	1:A:172:LYS:CB	0.47	2.62	6	1
1:A:12:CYS:HB3	1:A:14:PHE:CZ	0.47	2.44	20	2
1:A:112:PHE:CD2	1:A:183:VAL:HG22	0.47	2.44	21	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:THR:OG1	1:A:48:LYS:O	0.47	2.32	7	10
1:A:117:PHE:CB	1:A:120:HIS:CE1	0.47	2.97	10	8
1:A:34:ILE:HD11	1:A:87:SER:HB3	0.47	1.87	4	1
1:A:145:GLU:CG	1:A:152:LYS:HB3	0.47	2.39	13	1
1:A:141:LEU:HB3	1:A:158:ILE:HD12	0.47	1.86	18	1
1:A:34:ILE:HD12	1:A:36:PRO:HD3	0.47	1.86	22	1
1:A:201:THR:O	1:A:201:THR:HG23	0.47	2.09	22	1
1:A:45:ILE:HG22	1:A:77:GLU:HB3	0.47	1.86	13	5
1:A:113:GLU:HA	1:A:199:LYS:HD3	0.47	1.86	2	7
1:A:135:LEU:CD1	1:A:138:ASP:N	0.47	2.77	19	3
1:A:125:VAL:O	1:A:166:PHE:CB	0.47	2.62	5	9
1:A:135:LEU:HD21	1:A:137:PHE:HB3	0.47	1.85	8	1
1:A:114:ILE:HA	1:A:122:ASN:O	0.47	2.09	10	2
1:A:141:LEU:HB3	1:A:158:ILE:HD11	0.47	1.87	1	2
1:A:68:LEU:HD13	1:A:72:TRP:CE2	0.47	2.45	12	6
1:A:40:THR:O	1:A:40:THR:CG2	0.47	2.62	6	2
1:A:108:GLU:H	1:A:109:PRO:HD2	0.47	1.69	21	4
1:A:177:THR:O	1:A:177:THR:HG22	0.47	2.09	17	1
1:A:179:TYR:CD1	1:A:181:VAL:HG23	0.47	2.44	18	2
1:A:145:GLU:HG2	1:A:154:HIS:CD2	0.47	2.44	22	1
1:A:161:ASN:HB2	1:A:166:PHE:CE2	0.47	2.45	12	3
1:A:107:PHE:CZ	1:A:185:LEU:HB3	0.47	2.44	13	2
1:A:142:VAL:CG2	1:A:184:TYR:CD2	0.47	2.98	21	3
1:A:34:ILE:HG23	1:A:87:SER:OG	0.47	2.09	8	1
1:A:160:GLY:O	1:A:162:MET:N	0.47	2.48	13	1
1:A:142:VAL:CG1	1:A:184:TYR:CE1	0.47	2.98	14	3
1:A:112:PHE:HD2	1:A:125:VAL:HG22	0.47	1.70	21	1
1:A:72:TRP:CE3	1:A:79:TYR:CB	0.47	2.98	10	12
1:A:115:VAL:O	1:A:122:ASN:N	0.47	2.48	1	10
1:A:84:GLU:HG2	1:A:94:SER:HB3	0.47	1.86	20	8
1:A:13:THR:O	1:A:27:TRP:HA	0.47	2.10	20	5
1:A:18:LEU:CB	1:A:106:SER:O	0.47	2.63	12	6
1:A:117:PHE:HB2	1:A:120:HIS:CD2	0.47	2.45	18	6
1:A:158:ILE:HG22	1:A:162:MET:HB2	0.47	1.86	15	3
1:A:118:THR:HA	1:A:204:PRO:HG2	0.47	1.87	17	5
1:A:107:PHE:CE2	1:A:185:LEU:CD1	0.47	2.98	13	1
1:A:143:ILE:HD11	1:A:156:PRO:HG3	0.47	1.87	14	1
1:A:150:ILE:HG12	1:A:150:ILE:O	0.47	2.10	19	1
1:A:121:ILE:HD13	1:A:179:TYR:CE1	0.46	2.45	7	2
1:A:182:SER:OG	1:A:198:LEU:CD1	0.46	2.62	12	1
1:A:72:TRP:CZ3	1:A:99:PHE:CD2	0.46	3.03	12	14

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:179:TYR:CZ	1:A:201:THR:HG22	0.46	2.45	15	5
1:A:132:GLU:O	1:A:135:LEU:N	0.46	2.48	15	3
1:A:185:LEU:HD13	1:A:185:LEU:H	0.46	1.67	13	1
1:A:145:GLU:CG	1:A:170:ILE:HD12	0.46	2.39	22	1
1:A:20:ASN:CA	1:A:128:PRO:HG3	0.46	2.40	15	11
1:A:46:MET:CE	1:A:78:ALA:HB3	0.46	2.41	17	7
1:A:109:PRO:N	1:A:110:PRO:HD2	0.46	2.25	20	10
1:A:147:SER:OG	1:A:150:ILE:CD1	0.46	2.62	3	1
1:A:114:ILE:HG22	1:A:123:VAL:CG2	0.46	2.41	17	2
1:A:123:VAL:HG23	1:A:170:ILE:HD12	0.46	1.87	18	1
1:A:54:VAL:HG23	1:A:59:ALA:CB	0.46	2.36	20	1
1:A:141:LEU:HD22	1:A:142:VAL:N	0.46	2.24	21	1
1:A:112:PHE:HE1	1:A:181:VAL:HG13	0.46	1.70	22	1
1:A:114:ILE:HD12	1:A:201:THR:CB	0.46	2.41	18	17
1:A:84:GLU:HG2	1:A:94:SER:HB2	0.46	1.87	9	1
1:A:137:PHE:CD1	1:A:139:LEU:HB3	0.46	2.46	17	1
1:A:100:TRP:CD1	1:A:103:ILE:HD12	0.46	2.46	21	1
1:A:106:SER:CB	1:A:194:ILE:HD12	0.46	2.40	21	1
1:A:184:TYR:CE1	1:A:193:VAL:CG1	0.46	2.95	21	1
1:A:21:PHE:CD2	1:A:128:PRO:HG2	0.46	2.46	5	12
1:A:148:GLU:HB2	1:A:177:THR:HG23	0.46	1.86	3	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:60:ASN:HA	0.46	2.46	19	3
1:A:142:VAL:HG11	1:A:186:GLU:CG	0.46	2.41	6	2
1:A:142:VAL:CG2	1:A:144:GLU:OE1	0.46	2.64	22	2
1:A:121:ILE:CG2	1:A:179:TYR:CZ	0.46	2.99	9	13
1:A:131:VAL:O	1:A:133:GLU:N	0.46	2.49	21	5
1:A:114:ILE:HG22	1:A:123:VAL:CG1	0.46	2.41	17	3
1:A:84:GLU:O	1:A:86:PHE:CE1	0.46	2.69	1	1
1:A:158:ILE:O	1:A:158:ILE:HG22	0.46	2.11	19	3
1:A:107:PHE:CZ	1:A:185:LEU:CB	0.46	2.99	5	1
1:A:142:VAL:CG2	1:A:184:TYR:CZ	0.46	2.99	12	2
1:A:72:TRP:CH2	1:A:81:THR:CG2	0.46	2.99	14	3
1:A:107:PHE:CG	1:A:185:LEU:CD1	0.46	2.98	14	1
1:A:202:LEU:CD1	1:A:203:LEU:H	0.46	2.23	15	2
1:A:38:HIS:NE2	1:A:86:PHE:HB2	0.46	2.26	5	4
1:A:43:TYR:CE1	1:A:79:TYR:CE2	0.46	3.04	13	2
1:A:142:VAL:CG1	1:A:184:TYR:O	0.46	2.64	12	1
1:A:175:PRO:O	1:A:176:ASN:HB3	0.46	2.11	20	1
1:A:34:ILE:HG13	1:A:92:LEU:HD13	0.46	1.88	1	1
1:A:161:ASN:ND2	1:A:166:PHE:CZ	0.46	2.84	19	2
1:A:107:PHE:CD1	1:A:185:LEU:HD23	0.46	2.46	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:137:PHE:CD1	1:A:139:LEU:CD2	0.46	2.94	20	2
1:A:142:VAL:CG1	1:A:184:TYR:CD2	0.46	2.99	12	1
1:A:34:ILE:HD13	1:A:87:SER:HB2	0.46	1.88	22	1
1:A:40:THR:HA	1:A:59:ALA:HA	0.45	1.88	3	16
1:A:127:PHE:N	1:A:164:GLY:O	0.45	2.49	7	12
1:A:135:LEU:HD12	1:A:138:ASP:CA	0.45	2.41	5	2
1:A:142:VAL:CG1	1:A:184:TYR:CE2	0.45	2.99	12	1
1:A:180:CYS:HB3	1:A:198:LEU:HB3	0.45	1.88	18	4
1:A:107:PHE:O	1:A:107:PHE:CD1	0.45	2.69	13	1
1:A:203:LEU:N	1:A:203:LEU:CD1	0.45	2.78	13	1
1:A:29:LEU:CD1	1:A:39:TYR:CE1	0.45	2.98	15	1
1:A:148:GLU:CG	1:A:177:THR:HG23	0.45	2.41	22	1
1:A:180:CYS:HB3	1:A:198:LEU:HD23	0.45	1.86	22	1
1:A:121:ILE:O	1:A:169:ILE:CG2	0.45	2.62	11	13
1:A:124:MET:SD	1:A:167:THR:CG2	0.45	3.04	16	7
1:A:156:PRO:HG3	1:A:168:TYR:CE2	0.45	2.46	15	6
1:A:121:ILE:HG13	1:A:170:ILE:O	0.45	2.10	17	2
1:A:21:PHE:CZ	1:A:130:ILE:HB	0.45	2.46	14	1
1:A:194:ILE:O	1:A:194:ILE:HG22	0.45	2.10	20	1
1:A:100:TRP:CE3	1:A:100:TRP:HA	0.45	2.46	5	14
1:A:107:PHE:CE1	1:A:185:LEU:HD13	0.45	2.47	5	1
1:A:126:LYS:HD2	1:A:165:ASN:HA	0.45	1.88	6	1
1:A:55:VAL:O	1:A:59:ALA:N	0.45	2.49	8	1
1:A:141:LEU:HD12	1:A:143:ILE:HD12	0.45	1.88	13	2
1:A:21:PHE:CD2	1:A:128:PRO:CG	0.45	2.99	22	10
1:A:19:ARG:O	1:A:22:ARG:CB	0.45	2.64	3	1
1:A:117:PHE:CG	1:A:120:HIS:NE2	0.45	2.84	3	5
1:A:18:LEU:HD23	1:A:107:PHE:HE1	0.45	1.71	22	3
1:A:42:LEU:CD1	1:A:54:VAL:HA	0.45	2.38	11	1
1:A:121:ILE:HG22	1:A:122:ASN:N	0.45	2.26	13	1
1:A:147:SER:HB3	1:A:179:TYR:CE1	0.45	2.47	22	2
1:A:21:PHE:CE2	1:A:128:PRO:HB2	0.45	2.45	21	2
1:A:142:VAL:CG2	1:A:184:TYR:CE1	0.45	2.99	15	1
1:A:142:VAL:HG23	1:A:186:GLU:OE1	0.45	2.10	20	1
1:A:156:PRO:CG	1:A:168:TYR:CD2	0.45	2.99	21	5
1:A:37:THR:O	1:A:62:THR:HA	0.45	2.11	2	2
1:A:116:GLY:HA3	1:A:203:LEU:CD1	0.45	2.41	3	1
1:A:11:SER:O	1:A:28:GLU:O	0.45	2.35	7	2
1:A:161:ASN:ND2	1:A:166:PHE:CG	0.45	2.85	17	2
1:A:178:ASN:HB3	1:A:202:LEU:CD1	0.45	2.42	17	2
1:A:139:LEU:HD23	1:A:139:LEU:H	0.45	1.71	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:170:ILE:O	1:A:173:LEU:CD1	0.45	2.64	18	1
1:A:144:GLU:CD	1:A:153:LYS:HA	0.45	2.31	3	3
1:A:161:ASN:ND2	1:A:166:PHE:CD1	0.45	2.85	22	3
1:A:137:PHE:CD2	1:A:139:LEU:HD11	0.45	2.46	6	1
1:A:147:SER:CB	1:A:177:THR:CG2	0.45	2.95	19	2
1:A:83:LEU:N	1:A:95:CYS:O	0.45	2.50	11	1
1:A:117:PHE:O	1:A:203:LEU:HD23	0.45	2.11	13	1
1:A:131:VAL:HG13	1:A:134:GLU:HG2	0.45	1.88	14	1
1:A:119:ASN:ND2	1:A:173:LEU:O	0.45	2.49	18	8
1:A:137:PHE:CD2	1:A:139:LEU:CD2	0.45	3.00	16	2
1:A:121:ILE:HB	1:A:170:ILE:CB	0.45	2.41	20	5
1:A:40:THR:CG2	1:A:54:VAL:HB	0.45	2.42	8	1
1:A:114:ILE:HD11	1:A:199:LYS:HG2	0.45	1.87	17	2
1:A:125:VAL:HG11	1:A:183:VAL:CG1	0.45	2.42	17	1
1:A:121:ILE:HD13	1:A:179:TYR:CD1	0.45	2.47	7	4
1:A:141:LEU:CD1	1:A:183:VAL:HG13	0.45	2.40	18	1
1:A:16:ILE:HB	1:A:99:PHE:CD1	0.45	2.46	19	1
1:A:111:GLU:HG3	1:A:112:PHE:N	0.45	2.27	21	1
1:A:27:TRP:CB	1:A:83:LEU:CD2	0.45	2.95	1	10
1:A:86:PHE:HA	1:A:91:THR:HA	0.45	1.88	1	1
1:A:158:ILE:CD1	1:A:166:PHE:CZ	0.45	2.97	3	2
1:A:105:MET:SD	1:A:139:LEU:HD13	0.45	2.51	7	1
1:A:139:LEU:CD1	1:A:162:MET:HE3	0.45	2.42	8	1
1:A:179:TYR:CE2	1:A:203:LEU:HD21	0.45	2.47	10	2
1:A:107:PHE:CE2	1:A:185:LEU:HB3	0.45	2.47	21	2
1:A:144:GLU:OE2	1:A:184:TYR:CE2	0.45	2.70	16	1
1:A:196:SER:HB2	1:A:197:PRO:CD	0.45	2.41	18	1
1:A:43:TYR:CD2	1:A:55:VAL:CG2	0.45	3.00	6	10
1:A:43:TYR:CE1	1:A:79:TYR:HE1	0.45	2.29	20	4
1:A:111:GLU:O	1:A:126:LYS:N	0.45	2.49	11	5
1:A:177:THR:HG22	1:A:179:TYR:HD2	0.45	1.72	7	3
1:A:202:LEU:CD2	1:A:203:LEU:O	0.45	2.65	7	3
1:A:21:PHE:CD1	1:A:128:PRO:HG2	0.45	2.47	8	2
1:A:39:TYR:N	1:A:39:TYR:HD1	0.45	2.10	9	2
1:A:137:PHE:CG	1:A:138:ASP:N	0.45	2.85	10	2
1:A:179:TYR:HB2	1:A:201:THR:O	0.45	2.11	13	1
1:A:121:ILE:CB	1:A:179:TYR:CZ	0.45	2.96	18	1
1:A:121:ILE:CG1	1:A:179:TYR:CZ	0.45	2.99	18	1
1:A:100:TRP:CE2	1:A:103:ILE:HD13	0.44	2.46	22	4
1:A:118:THR:CB	1:A:204:PRO:CG	0.44	2.94	7	5
1:A:126:LYS:CD	1:A:165:ASN:HB3	0.44	2.43	8	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:42:LEU:CD2	1:A:54:VAL:CG1	0.44	2.96	18	4
1:A:184:TYR:CZ	1:A:193:VAL:HG23	0.44	2.47	13	1
1:A:55:VAL:O	1:A:56:LYS:C	0.44	2.56	19	1
1:A:15:LYS:O	1:A:26:SER:N	0.44	2.48	2	10
1:A:122:ASN:ND2	1:A:169:ILE:HD12	0.44	2.27	1	2
1:A:18:LEU:HD21	1:A:105:MET:HE2	0.44	1.88	3	2
1:A:31:ASN:CB	1:A:35:VAL:HG12	0.44	2.42	3	1
1:A:38:HIS:C	1:A:39:TYR:HD1	0.44	2.15	20	2
1:A:141:LEU:H	1:A:158:ILE:CD1	0.44	2.26	14	2
1:A:182:SER:HB2	1:A:198:LEU:HD11	0.44	1.88	14	1
1:A:137:PHE:CE2	1:A:139:LEU:HD23	0.44	2.48	16	1
1:A:37:THR:CG2	1:A:38:HIS:H	0.44	2.17	20	1
1:A:19:ARG:HB3	1:A:109:PRO:HG2	0.44	1.89	1	2
1:A:137:PHE:CD2	1:A:139:LEU:HB2	0.44	2.47	1	1
1:A:68:LEU:HD13	1:A:72:TRP:CG	0.44	2.47	2	1
1:A:117:PHE:CB	1:A:120:HIS:CD2	0.44	3.00	9	4
1:A:135:LEU:HD11	1:A:137:PHE:HE1	0.44	1.73	3	1
1:A:21:PHE:HD1	1:A:21:PHE:O	0.44	1.94	4	1
1:A:179:TYR:HE1	1:A:203:LEU:HD21	0.44	1.72	19	2
1:A:117:PHE:N	1:A:203:LEU:HD22	0.44	2.27	16	3
1:A:177:THR:HG22	1:A:177:THR:O	0.44	2.10	7	1
1:A:85:GLY:CA	1:A:93:PHE:CZ	0.44	2.97	9	1
1:A:42:LEU:HD12	1:A:52:LEU:CD2	0.44	2.42	11	1
1:A:107:PHE:CD1	1:A:185:LEU:CD1	0.44	3.00	11	1
1:A:158:ILE:HG23	1:A:166:PHE:HE2	0.44	1.72	15	1
1:A:203:LEU:O	1:A:205:PRO:CD	0.44	2.65	3	15
1:A:29:LEU:HD13	1:A:39:TYR:CZ	0.44	2.47	2	2
1:A:184:TYR:HB3	1:A:195:LYS:HA	0.44	1.90	9	11
1:A:23:SER:O	1:A:68:LEU:HG	0.44	2.12	21	2
1:A:56:LYS:O	1:A:57:ASN:CB	0.44	2.65	5	1
1:A:145:GLU:OE2	1:A:173:LEU:CD2	0.44	2.65	14	2
1:A:142:VAL:CA	1:A:154:HIS:O	0.44	2.66	9	1
1:A:127:PHE:O	1:A:128:PRO:O	0.44	2.36	14	2
1:A:21:PHE:CZ	1:A:128:PRO:HB2	0.44	2.48	16	1
1:A:12:CYS:CA	1:A:29:LEU:HD23	0.44	2.43	22	1
1:A:165:ASN:O	1:A:166:PHE:C	0.44	2.55	10	5
1:A:78:ALA:CB	1:A:100:TRP:CE3	0.44	3.00	20	4
1:A:38:HIS:CE1	1:A:86:PHE:O	0.44	2.70	12	10
1:A:100:TRP:CE2	1:A:103:ILE:CD1	0.44	2.98	8	5
1:A:43:TYR:N	1:A:52:LEU:CD2	0.44	2.81	14	8
1:A:125:VAL:HG11	1:A:183:VAL:HG11	0.44	1.89	16	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:18:LEU:HD23	1:A:107:PHE:CD1	0.44	2.47	6	2
1:A:150:ILE:O	1:A:150:ILE:HG12	0.44	2.12	3	4
1:A:127:PHE:CZ	1:A:162:MET:HE1	0.44	2.48	3	1
1:A:132:GLU:HA	1:A:135:LEU:HB3	0.44	1.88	16	3
1:A:135:LEU:CD1	1:A:138:ASP:HB3	0.44	2.43	19	2
1:A:114:ILE:HG21	1:A:181:VAL:CG1	0.44	2.43	7	2
1:A:130:ILE:O	1:A:163:SER:CB	0.44	2.65	13	6
1:A:141:LEU:CD2	1:A:142:VAL:N	0.44	2.80	11	2
1:A:25:LEU:HD21	1:A:41:LEU:CG	0.44	2.42	16	1
1:A:146:GLN:HB2	1:A:180:CYS:O	0.44	2.13	17	3
1:A:117:PHE:HB3	1:A:120:HIS:CE1	0.44	2.48	19	10
1:A:54:VAL:O	1:A:54:VAL:CG1	0.44	2.65	6	2
1:A:135:LEU:HD23	1:A:135:LEU:C	0.44	2.32	18	1
1:A:27:TRP:CD2	1:A:83:LEU:CD2	0.44	3.00	9	2
1:A:141:LEU:N	1:A:162:MET:CE	0.44	2.81	16	2
1:A:84:GLU:HG3	1:A:94:SER:HB3	0.43	1.89	12	6
1:A:68:LEU:HD23	1:A:68:LEU:N	0.43	2.28	5	7
1:A:114:ILE:HG12	1:A:199:LYS:HB3	0.43	1.90	4	4
1:A:177:THR:O	1:A:179:TYR:CD2	0.43	2.71	17	4
1:A:27:TRP:CZ2	1:A:39:TYR:HB2	0.43	2.48	7	3
1:A:185:LEU:HD23	1:A:185:LEU:H	0.43	1.73	9	1
1:A:107:PHE:CE2	1:A:127:PHE:CE2	0.43	3.05	11	1
1:A:132:GLU:C	1:A:134:GLU:H	0.43	2.16	15	1
1:A:194:ILE:N	1:A:194:ILE:CD1	0.43	2.81	20	1
1:A:82:VAL:HA	1:A:95:CYS:O	0.43	2.13	21	1
1:A:103:ILE:N	1:A:103:ILE:HD12	0.43	2.28	15	6
1:A:143:ILE:O	1:A:154:HIS:N	0.43	2.52	22	7
1:A:102:ALA:O	1:A:187:HIS:CG	0.43	2.71	8	4
1:A:145:GLU:CD	1:A:147:SER:HG	0.43	2.15	8	2
1:A:170:ILE:HD13	1:A:179:TYR:CD2	0.43	2.47	13	1
1:A:118:THR:N	1:A:204:PRO:HD2	0.43	2.27	22	1
1:A:168:TYR:CD1	1:A:168:TYR:C	0.43	2.91	19	6
1:A:202:LEU:HD12	1:A:203:LEU:N	0.43	2.23	16	5
1:A:142:VAL:HB	1:A:184:TYR:O	0.43	2.13	11	2
1:A:135:LEU:CD1	1:A:137:PHE:HB2	0.43	2.43	16	1
1:A:144:GLU:HG3	1:A:152:LYS:O	0.43	2.12	17	1
1:A:72:TRP:CZ3	1:A:79:TYR:HB3	0.43	2.47	16	14
1:A:161:ASN:CG	1:A:166:PHE:CZ	0.43	2.91	10	7
1:A:84:GLU:CG	1:A:94:SER:CB	0.43	2.96	19	7
1:A:25:LEU:HD23	1:A:68:LEU:HD22	0.43	1.91	6	2
1:A:27:TRP:CZ3	1:A:64:SER:O	0.43	2.71	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:182:SER:CB	1:A:198:LEU:HD11	0.43	2.44	10	1
1:A:42:LEU:CD2	1:A:54:VAL:HG23	0.43	2.44	11	1
1:A:84:GLU:HA	1:A:94:SER:HA	0.43	1.90	11	2
1:A:105:MET:HB2	1:A:185:LEU:HD21	0.43	1.90	12	1
1:A:185:LEU:HD13	1:A:185:LEU:O	0.43	2.14	12	1
1:A:157:GLU:O	1:A:161:ASN:ND2	0.43	2.51	13	1
1:A:108:GLU:CB	1:A:109:PRO:HD3	0.43	2.43	15	1
1:A:142:VAL:CB	1:A:184:TYR:CE1	0.43	3.02	15	2
1:A:16:ILE:HB	1:A:99:PHE:HE1	0.43	1.72	18	1
1:A:29:LEU:HD22	1:A:29:LEU:H	0.43	1.73	20	1
1:A:145:GLU:OE1	1:A:147:SER:OG	0.43	2.36	2	1
1:A:46:MET:HE3	1:A:78:ALA:HB3	0.43	1.91	4	2
1:A:125:VAL:CG1	1:A:183:VAL:CG1	0.43	2.95	17	3
1:A:43:TYR:O	1:A:53:LYS:N	0.43	2.51	22	1
1:A:65:PHE:CD2	1:A:65:PHE:O	0.43	2.72	6	6
1:A:142:VAL:CG1	1:A:186:GLU:CG	0.43	2.96	6	2
1:A:142:VAL:HB	1:A:155:LYS:HG3	0.43	1.91	12	1
1:A:44:THR:O	1:A:80:VAL:O	0.43	2.36	22	2
1:A:108:GLU:O	1:A:110:PRO:HD3	0.43	2.14	16	1
1:A:154:HIS:CD2	1:A:170:ILE:CG2	0.43	3.02	16	1
1:A:127:PHE:HZ	1:A:141:LEU:HD13	0.43	1.72	18	1
1:A:141:LEU:CG	1:A:183:VAL:HG12	0.43	2.43	21	1
1:A:21:PHE:CE2	1:A:128:PRO:CG	0.43	3.01	3	11
1:A:75:THR:HG22	1:A:105:MET:HE1	0.43	1.89	1	1
1:A:145:GLU:OE1	1:A:147:SER:N	0.43	2.52	7	1
1:A:117:PHE:N	1:A:120:HIS:O	0.43	2.48	13	2
1:A:107:PHE:CG	1:A:185:LEU:HD23	0.43	2.49	17	1
1:A:87:SER:HB2	1:A:92:LEU:HD22	0.43	1.91	6	2
1:A:100:TRP:HA	1:A:100:TRP:CE3	0.43	2.49	9	4
1:A:121:ILE:N	1:A:170:ILE:O	0.43	2.52	12	1
1:A:137:PHE:CE1	1:A:138:ASP:O	0.43	2.72	17	1
1:A:106:SER:HB3	1:A:194:ILE:HD12	0.43	1.90	21	1
1:A:114:ILE:CG1	1:A:199:LYS:CB	0.43	2.97	1	2
1:A:145:GLU:OE1	1:A:179:TYR:HB2	0.43	2.13	4	1
1:A:22:ARG:HB2	1:A:69:THR:HG23	0.43	1.91	6	1
1:A:102:ALA:O	1:A:187:HIS:CD2	0.43	2.72	15	2
1:A:139:LEU:HD12	1:A:139:LEU:O	0.43	2.14	11	1
1:A:173:LEU:HD21	1:A:179:TYR:HE1	0.43	1.73	13	1
1:A:126:LYS:N	1:A:126:LYS:CD	0.43	2.82	16	1
1:A:173:LEU:N	1:A:173:LEU:HD22	0.43	2.28	17	1
1:A:113:GLU:HB2	1:A:199:LYS:HE3	0.43	1.90	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:THR:N	1:A:80:VAL:O	0.43	2.49	3	2
1:A:127:PHE:CE2	1:A:162:MET:HG2	0.43	2.49	5	4
1:A:18:LEU:HB2	1:A:106:SER:O	0.43	2.14	9	1
1:A:107:PHE:C	1:A:108:GLU:CG	0.43	2.87	11	1
1:A:143:ILE:O	1:A:154:HIS:CD2	0.43	2.71	13	1
1:A:125:VAL:HG11	1:A:141:LEU:HD11	0.43	1.90	14	1
1:A:127:PHE:CZ	1:A:162:MET:HG2	0.43	2.49	16	2
1:A:14:PHE:HA	1:A:27:TRP:HA	0.42	1.90	1	7
1:A:113:GLU:CB	1:A:199:LYS:CE	0.42	2.96	19	2
1:A:121:ILE:HG13	1:A:173:LEU:CD1	0.42	2.44	7	1
1:A:108:GLU:CB	1:A:109:PRO:CD	0.42	2.97	14	1
1:A:130:ILE:HD11	1:A:135:LEU:HB2	0.42	1.90	16	1
1:A:116:GLY:HA2	1:A:179:TYR:OH	0.42	2.14	20	2
1:A:123:VAL:CG2	1:A:181:VAL:HG11	0.42	2.44	7	1
1:A:176:ASN:N	1:A:205:PRO:HA	0.42	2.29	7	4
1:A:117:PHE:O	1:A:203:LEU:CB	0.42	2.67	12	2
1:A:112:PHE:CE1	1:A:199:LYS:HB2	0.42	2.49	16	1
1:A:121:ILE:CG1	1:A:179:TYR:CE2	0.42	3.03	20	1
1:A:25:LEU:HD21	1:A:41:LEU:HG	0.42	1.90	16	2
1:A:42:LEU:HD13	1:A:54:VAL:N	0.42	2.29	11	1
1:A:175:PRO:HA	1:A:203:LEU:CD1	0.42	2.45	20	1
1:A:113:GLU:O	1:A:114:ILE:HG23	0.42	2.14	13	3
1:A:120:HIS:ND1	1:A:120:HIS:N	0.42	2.68	14	5
1:A:158:ILE:CG2	1:A:162:MET:HG3	0.42	2.45	11	1
1:A:145:GLU:N	1:A:152:LYS:O	0.42	2.51	12	1
1:A:189:ASP:C	1:A:191:GLN:H	0.42	2.17	13	1
1:A:144:GLU:HG2	1:A:152:LYS:O	0.42	2.15	20	2
1:A:157:GLU:O	1:A:158:ILE:HD13	0.42	2.15	20	1
1:A:168:TYR:CE1	1:A:170:ILE:HG12	0.42	2.49	19	2
1:A:43:TYR:CZ	1:A:53:LYS:HD3	0.42	2.50	8	1
1:A:80:VAL:HG13	1:A:98:ASN:OD1	0.42	2.15	11	1
1:A:42:LEU:C	1:A:52:LEU:HD23	0.42	2.35	13	1
1:A:147:SER:HB2	1:A:179:TYR:CE1	0.42	2.50	13	1
1:A:127:PHE:CE2	1:A:162:MET:SD	0.42	3.12	18	1
1:A:34:ILE:HG23	1:A:34:ILE:O	0.42	2.14	5	1
1:A:147:SER:HA	1:A:179:TYR:HA	0.42	1.92	6	2
1:A:65:PHE:O	1:A:65:PHE:CD1	0.42	2.73	8	3
1:A:141:LEU:N	1:A:158:ILE:HG13	0.42	2.30	17	4
1:A:109:PRO:HB2	1:A:110:PRO:HD3	0.42	1.92	22	3
1:A:44:THR:CB	1:A:50:GLU:O	0.42	2.67	13	1
1:A:34:ILE:HD13	1:A:34:ILE:H	0.42	1.75	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:19:ARG:HB2	1:A:109:PRO:HG2	0.42	1.92	19	1
1:A:20:ASN:HB3	1:A:128:PRO:CG	0.42	2.45	21	1
1:A:154:HIS:CE1	1:A:168:TYR:OH	0.42	2.72	22	1
1:A:109:PRO:N	1:A:110:PRO:CD	0.42	2.83	2	9
1:A:22:ARG:HG3	1:A:69:THR:HG23	0.42	1.92	3	2
1:A:161:ASN:O	1:A:166:PHE:CD2	0.42	2.72	12	2
1:A:179:TYR:CE1	1:A:203:LEU:HD21	0.42	2.50	6	2
1:A:29:LEU:HD22	1:A:93:PHE:HE2	0.42	1.71	10	1
1:A:140:SER:CA	1:A:158:ILE:HG13	0.42	2.45	10	1
1:A:147:SER:HB2	1:A:179:TYR:HB3	0.42	1.90	12	1
1:A:173:LEU:HD22	1:A:177:THR:HG21	0.42	1.92	12	1
1:A:24:ILE:HG23	1:A:66:CYS:O	0.42	2.14	13	1
1:A:107:PHE:CE2	1:A:185:LEU:CG	0.42	3.03	13	1
1:A:177:THR:C	1:A:202:LEU:HD12	0.42	2.35	13	1
1:A:18:LEU:HD21	1:A:137:PHE:HZ	0.42	1.74	16	1
1:A:42:LEU:CD1	1:A:84:GLU:CG	0.42	2.98	7	1
1:A:111:GLU:CB	1:A:126:LYS:HB2	0.42	2.45	16	1
1:A:180:CYS:CB	1:A:198:LEU:HD23	0.42	2.45	18	1
1:A:45:ILE:N	1:A:45:ILE:CD1	0.42	2.81	19	1
1:A:186:GLU:OE1	1:A:186:GLU:N	0.42	2.53	20	1
1:A:107:PHE:CD2	1:A:185:LEU:HD22	0.42	2.50	21	1
1:A:174:ILE:CG2	1:A:175:PRO:HD2	0.42	2.45	18	3
1:A:121:ILE:O	1:A:169:ILE:HA	0.42	2.15	5	1
1:A:118:THR:CA	1:A:204:PRO:CG	0.42	2.98	7	1
1:A:42:LEU:HD12	1:A:52:LEU:HD22	0.42	1.90	11	1
1:A:20:ASN:HB3	1:A:128:PRO:HG2	0.42	1.92	16	1
1:A:121:ILE:CG1	1:A:170:ILE:HB	0.42	2.45	18	1
1:A:132:GLU:HA	1:A:135:LEU:CG	0.42	2.44	21	1
1:A:22:ARG:CG	1:A:69:THR:HG23	0.42	2.45	1	2
1:A:116:GLY:CA	1:A:203:LEU:HD12	0.42	2.45	3	1
1:A:121:ILE:CD1	1:A:145:GLU:OE2	0.42	2.68	9	4
1:A:145:GLU:OE1	1:A:145:GLU:HA	0.42	2.15	4	1
1:A:105:MET:CE	1:A:105:MET:HA	0.42	2.45	11	1
1:A:124:MET:CB	1:A:166:PHE:O	0.42	2.68	11	1
1:A:143:ILE:CG1	1:A:156:PRO:HD3	0.42	2.44	12	1
1:A:146:GLN:CD	1:A:151:VAL:HG13	0.42	2.34	18	1
1:A:156:PRO:HG3	1:A:168:TYR:CE1	0.41	2.49	5	1
1:A:141:LEU:HD22	1:A:184:TYR:O	0.41	2.14	6	1
1:A:141:LEU:HD23	1:A:142:VAL:H	0.41	1.75	11	1
1:A:130:ILE:CD1	1:A:135:LEU:CD2	0.41	2.98	14	1
1:A:44:THR:CG2	1:A:52:LEU:HG	0.41	2.45	19	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:140:SER:CA	1:A:162:MET:HE1	0.41	2.44	16	1
1:A:114:ILE:HG21	1:A:181:VAL:HG21	0.41	1.91	18	1
1:A:176:ASN:HB2	1:A:205:PRO:HB3	0.41	1.91	18	1
1:A:109:PRO:O	1:A:110:PRO:C	0.41	2.58	21	1
1:A:83:LEU:O	1:A:83:LEU:HG	0.41	2.15	1	1
1:A:19:ARG:CG	1:A:24:ILE:HD12	0.41	2.45	4	1
1:A:86:PHE:HD1	1:A:91:THR:HG22	0.41	1.74	11	1
1:A:145:GLU:HG3	1:A:145:GLU:O	0.41	2.15	13	1
1:A:141:LEU:CD1	1:A:183:VAL:CG1	0.41	2.98	18	1
1:A:141:LEU:O	1:A:155:LYS:HA	0.41	2.15	1	1
1:A:145:GLU:OE2	1:A:179:TYR:CB	0.41	2.68	8	2
1:A:121:ILE:CD1	1:A:170:ILE:HD12	0.41	2.46	10	1
1:A:107:PHE:CE1	1:A:127:PHE:CZ	0.41	3.08	13	1
1:A:173:LEU:HD21	1:A:179:TYR:CE1	0.41	2.50	13	1
1:A:34:ILE:HD13	1:A:87:SER:CB	0.41	2.45	22	1
1:A:137:PHE:CZ	1:A:162:MET:SD	0.41	3.14	1	1
1:A:147:SER:O	1:A:150:ILE:HG12	0.41	2.15	3	2
1:A:184:TYR:CD1	1:A:184:TYR:C	0.41	2.93	15	3
1:A:142:VAL:CB	1:A:154:HIS:O	0.41	2.69	6	1
1:A:180:CYS:HB3	1:A:198:LEU:HD22	0.41	1.92	8	2
1:A:203:LEU:O	1:A:203:LEU:HD12	0.41	2.15	9	1
1:A:16:ILE:HD13	1:A:101:LEU:CD2	0.41	2.45	14	1
1:A:114:ILE:HG12	1:A:181:VAL:CG1	0.41	2.46	22	1
1:A:127:PHE:CE1	1:A:162:MET:SD	0.41	3.14	3	2
1:A:103:ILE:HD12	1:A:103:ILE:N	0.41	2.31	6	3
1:A:121:ILE:HD13	1:A:179:TYR:CG	0.41	2.49	17	2
1:A:16:ILE:CB	1:A:99:PHE:CE1	0.41	3.03	18	1
1:A:121:ILE:HG12	1:A:170:ILE:HB	0.41	1.93	18	1
1:A:22:ARG:HG3	1:A:69:THR:OG1	0.41	2.15	21	1
1:A:147:SER:HB2	1:A:177:THR:CG2	0.41	2.44	9	3
1:A:111:GLU:CG	1:A:126:LYS:HB2	0.41	2.45	6	1
1:A:145:GLU:OE1	1:A:154:HIS:NE2	0.41	2.54	13	1
1:A:107:PHE:CD2	1:A:185:LEU:HD11	0.41	2.50	14	1
1:A:130:ILE:O	1:A:162:MET:O	0.41	2.38	16	1
1:A:22:ARG:CB	1:A:69:THR:OG1	0.41	2.68	21	1
1:A:154:HIS:NE2	1:A:170:ILE:CG2	0.41	2.84	5	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:60:ASN:HB3	0.41	2.50	17	3
1:A:107:PHE:O	1:A:194:ILE:CG2	0.41	2.68	9	3
1:A:114:ILE:HG21	1:A:181:VAL:HB	0.41	1.92	7	2
1:A:12:CYS:HB2	1:A:14:PHE:CZ	0.41	2.50	9	1
1:A:107:PHE:CE1	1:A:110:PRO:CG	0.41	3.04	18	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:135:LEU:HD12	1:A:137:PHE:C	0.41	2.36	19	1
1:A:12:CYS:HA	1:A:29:LEU:CD2	0.41	2.46	22	1
1:A:65:PHE:O	1:A:65:PHE:CD2	0.41	2.74	16	4
1:A:154:HIS:CG	1:A:168:TYR:OH	0.41	2.73	3	1
1:A:170:ILE:O	1:A:173:LEU:HD11	0.41	2.16	4	2
1:A:72:TRP:CD1	1:A:79:TYR:CD1	0.41	3.09	22	2
1:A:124:MET:CA	1:A:166:PHE:O	0.41	2.68	11	1
1:A:123:VAL:CG2	1:A:170:ILE:CD1	0.41	2.99	18	2
1:A:14:PHE:CE1	1:A:83:LEU:CD2	0.41	3.01	19	2
1:A:20:ASN:CB	1:A:128:PRO:HG3	0.41	2.45	21	1
1:A:22:ARG:HG3	1:A:69:THR:CG2	0.41	2.44	3	1
1:A:72:TRP:CA	1:A:79:TYR:CZ	0.41	3.02	12	2
1:A:147:SER:OG	1:A:177:THR:CG2	0.41	2.69	6	1
1:A:128:PRO:O	1:A:164:GLY:N	0.41	2.54	10	1
1:A:123:VAL:N	1:A:168:TYR:O	0.41	2.52	11	1
1:A:98:ASN:OD1	1:A:100:TRP:CE3	0.41	2.74	16	1
1:A:21:PHE:CE1	1:A:128:PRO:HG2	0.41	2.51	17	1
1:A:27:TRP:HZ2	1:A:63:ARG:O	0.41	1.99	17	1
1:A:75:THR:HG21	1:A:136:GLN:HG3	0.41	1.93	17	1
1:A:194:ILE:HG22	1:A:194:ILE:O	0.41	2.16	17	1
1:A:101:LEU:HB3	1:A:105:MET:HE1	0.41	1.93	18	1
1:A:105:MET:O	1:A:194:ILE:HG13	0.41	2.16	18	1
1:A:174:ILE:HG23	1:A:175:PRO:HD2	0.41	1.92	18	1
1:A:14:PHE:HZ	1:A:95:CYS:HB2	0.41	1.76	21	1
1:A:113:GLU:HA	1:A:199:LYS:CE	0.41	2.46	21	1
1:A:135:LEU:C	1:A:135:LEU:CD1	0.41	2.89	21	1
1:A:145:GLU:CG	1:A:170:ILE:CD1	0.41	2.93	8	2
1:A:120:HIS:CA	1:A:173:LEU:HD12	0.41	2.45	7	1
1:A:42:LEU:CD1	1:A:82:VAL:O	0.41	2.60	8	1
1:A:40:THR:HA	1:A:58:CYS:O	0.41	2.15	10	1
1:A:13:THR:O	1:A:14:PHE:CD1	0.41	2.74	13	1
1:A:45:ILE:HD12	1:A:48:LYS:HB2	0.41	1.93	13	1
1:A:132:GLU:O	1:A:135:LEU:HB2	0.41	2.15	15	1
1:A:42:LEU:HB3	1:A:52:LEU:HD22	0.41	1.92	18	1
1:A:107:PHE:CD1	1:A:110:PRO:HG2	0.41	2.51	18	1
1:A:177:THR:N	1:A:202:LEU:CD1	0.41	2.84	19	1
1:A:107:PHE:CE2	1:A:185:LEU:CD2	0.41	3.03	21	1
1:A:108:GLU:HB3	1:A:109:PRO:HD3	0.40	1.92	1	1
1:A:18:LEU:HD12	1:A:23:SER:HA	0.40	1.92	4	1
1:A:137:PHE:CE1	1:A:139:LEU:HB3	0.40	2.51	10	1
1:A:144:GLU:HG2	1:A:153:LYS:HA	0.40	1.93	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:161:ASN:HB3	1:A:166:PHE:CD2	0.40	2.51	13	1
1:A:184:TYR:CE1	1:A:193:VAL:HG23	0.40	2.51	15	1
1:A:115:VAL:N	1:A:122:ASN:O	0.40	2.53	16	1
1:A:85:GLY:O	1:A:86:PHE:CD1	0.40	2.74	20	1
1:A:29:LEU:H	1:A:29:LEU:HD22	0.40	1.76	21	1
1:A:132:GLU:CB	1:A:135:LEU:HD23	0.40	2.46	21	1
1:A:121:ILE:HG12	1:A:179:TYR:CZ	0.40	2.51	1	1
1:A:53:LYS:O	1:A:55:VAL:N	0.40	2.54	11	1
1:A:141:LEU:HD12	1:A:166:PHE:CD2	0.40	2.51	15	1
1:A:114:ILE:HG13	1:A:199:LYS:HE3	0.40	1.91	21	1
1:A:138:ASP:O	1:A:139:LEU:CD1	0.40	2.69	4	1
1:A:145:GLU:O	1:A:152:LYS:N	0.40	2.54	10	1
1:A:117:PHE:O	1:A:119:ASN:N	0.40	2.55	17	2
1:A:105:MET:SD	1:A:137:PHE:CE1	0.40	3.14	15	1
1:A:114:ILE:N	1:A:199:LYS:HD3	0.40	2.31	15	1
1:A:127:PHE:O	1:A:128:PRO:C	0.40	2.60	16	1
1:A:132:GLU:CB	1:A:135:LEU:HD22	0.40	2.46	16	1
1:A:29:LEU:CD2	1:A:39:TYR:CZ	0.40	3.04	19	2
1:A:186:GLU:C	1:A:187:HIS:CG	0.40	2.95	19	1
1:A:25:LEU:HD13	1:A:72:TRP:CZ2	0.40	2.52	4	1
1:A:112:PHE:CE1	1:A:181:VAL:O	0.40	2.74	9	1
1:A:43:TYR:CB	1:A:81:THR:CG2	0.40	2.99	12	1
1:A:131:VAL:O	1:A:131:VAL:HG23	0.40	2.17	12	1
1:A:44:THR:OG1	1:A:45:ILE:N	0.40	2.54	21	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:60:ASN:ND2	0.40	2.90	22	1
1:A:140:SER:HA	1:A:158:ILE:CG1	0.40	2.45	4	1
1:A:111:GLU:HB2	1:A:126:LYS:HB2	0.40	1.94	5	1
1:A:185:LEU:HD12	1:A:186:GLU:N	0.40	2.31	6	1
1:A:132:GLU:HA	1:A:135:LEU:CB	0.40	2.47	8	1
1:A:182:SER:CB	1:A:198:LEU:CD1	0.40	2.99	12	1
1:A:131:VAL:O	1:A:131:VAL:CG1	0.40	2.69	14	1
1:A:93:PHE:O	1:A:94:SER:CB	0.40	2.70	21	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	195/212 (92%)	148±3 (76±2%)	37±3 (19±2%)	11±2 (6±1%)	3	23
All	All	4290/4664 (92%)	3245 (76%)	807 (19%)	238 (6%)	3	23

All 36 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	60	ASN	22
1	A	105	MET	22
1	A	110	PRO	20
1	A	108	GLU	17
1	A	132	GLU	17
1	A	175	PRO	15
1	A	79	TYR	13
1	A	204	PRO	13
1	A	198	LEU	12
1	A	188	SER	12
1	A	12	CYS	11
1	A	197	PRO	7
1	A	128	PRO	6
1	A	159	LYS	6
1	A	73	ARG	5
1	A	118	THR	5
1	A	139	LEU	4
1	A	133	GLU	4
1	A	187	HIS	3
1	A	94	SER	3
1	A	172	LYS	3
1	A	148	GLU	3
1	A	109	PRO	2
1	A	156	PRO	1
1	A	11	SER	1
1	A	166	PHE	1
1	A	54	VAL	1
1	A	55	VAL	1
1	A	51	ASP	1
1	A	161	ASN	1
1	A	190	GLU	1
1	A	98	ASN	1
1	A	196	SER	1
1	A	58	CYS	1
1	A	32	HIS	1
1	A	112	PHE	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	185/201 (92%)	122±4 (66±2%)	63±4 (34±2%)	1	10
All	All	4070/4422 (92%)	2675 (66%)	1395 (34%)	1	10

All 136 unique residues with a non-rotameric sidechain are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	29	LEU	22
1	A	42	LEU	22
1	A	45	ILE	22
1	A	52	LEU	22
1	A	68	LEU	22
1	A	80	VAL	22
1	A	100	TRP	22
1	A	130	ILE	22
1	A	143	ILE	22
1	A	150	ILE	22
1	A	165	ASN	22
1	A	167	THR	22
1	A	12	CYS	21
1	A	23	SER	21
1	A	155	LYS	21
1	A	91	THR	21
1	A	193	VAL	20
1	A	201	THR	20
1	A	17	SER	19
1	A	81	THR	19
1	A	105	MET	19
1	A	38	HIS	18
1	A	62	THR	18
1	A	86	PHE	18
1	A	94	SER	18
1	A	126	LYS	18
1	A	74	SER	17
1	A	101	LEU	17
1	A	145	GLU	17

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	170	ILE	17
1	A	177	THR	17
1	A	11	SER	16
1	A	28	GLU	16
1	A	46	MET	16
1	A	60	ASN	16
1	A	73	ARG	16
1	A	41	LEU	15
1	A	53	LYS	15
1	A	30	LYS	14
1	A	50	GLU	14
1	A	114	ILE	14
1	A	189	ASP	14
1	A	144	GLU	14
1	A	63	ARG	13
1	A	112	PHE	13
1	A	137	PHE	13
1	A	146	GLN	13
1	A	152	LYS	13
1	A	153	LYS	13
1	A	108	GLU	13
1	A	198	LEU	13
1	A	147	SER	13
1	A	119	ASN	12
1	A	203	LEU	12
1	A	95	CYS	12
1	A	107	PHE	12
1	A	200	CYS	12
1	A	15	LYS	11
1	A	188	SER	11
1	A	19	ARG	10
1	A	33	SER	10
1	A	66	CYS	10
1	A	79	TYR	10
1	A	118	THR	10
1	A	173	LEU	10
1	A	190	GLU	10
1	A	180	CYS	10
1	A	172	LYS	10
1	A	71	GLU	9
1	A	124	MET	9
1	A	159	LYS	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	87	SER	9
1	A	32	HIS	9
1	A	157	GLU	9
1	A	111	GLU	8
1	A	133	GLU	8
1	A	139	LEU	8
1	A	148	GLU	8
1	A	186	GLU	8
1	A	182	SER	8
1	A	56	LYS	7
1	A	76	HIS	7
1	A	83	LEU	7
1	A	106	SER	7
1	A	120	HIS	7
1	A	132	GLU	7
1	A	161	ASN	7
1	A	13	THR	7
1	A	25	LEU	7
1	A	134	GLU	7
1	A	47	SER	6
1	A	51	ASP	6
1	A	185	LEU	6
1	A	176	ASN	6
1	A	96	SER	6
1	A	171	ASP	6
1	A	199	LYS	6
1	A	191	GLN	6
1	A	166	PHE	5
1	A	138	ASP	4
1	A	135	LEU	4
1	A	141	LEU	4
1	A	196	SER	4
1	A	34	ILE	3
1	A	26	SER	3
1	A	89	ASN	3
1	A	195	LYS	3
1	A	129	SER	3
1	A	22	ARG	3
1	A	48	LYS	3
1	A	187	HIS	3
1	A	31	ASN	3
1	A	142	VAL	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	70	ASP	3
1	A	20	ASN	2
1	A	174	ILE	2
1	A	57	ASN	2
1	A	113	GLU	2
1	A	69	THR	2
1	A	40	THR	2
1	A	136	GLN	2
1	A	39	TYR	2
1	A	179	TYR	2
1	A	16	ILE	2
1	A	122	ASN	1
1	A	67	ASP	1
1	A	184	TYR	1
1	A	140	SER	1
1	A	178	ASN	1
1	A	104	ASP	1
1	A	127	PHE	1
1	A	121	ILE	1
1	A	163	SER	1
1	A	93	PHE	1
1	A	183	VAL	1
1	A	181	VAL	1

6.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no monosaccharides in this entry.

6.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided