



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Apr 26, 2016 – 02:26 PM BST

PDB ID : 1DS9
Title : SOLUTION STRUCTURE OF CHLAMYDOMONAS OUTER ARM
DYNEIN LIGHT CHAIN 1
Authors : Wu, H.W.; Maciejewski, M.W.; Marintchev, A.; Benashski, S.E.; Mullen, G.P.;
King, S.M.
Deposited on : 2000-01-07

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
<http://wwpdb.org/validation/2016/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
Mogul : unknown
Percentile statistics : 20151230.v01 (using entries in the PDB archive December 30th 2015)
RCI : v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV : Wang et al. (2010)
ShiftChecker : rb-20027457
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : rb-20027457

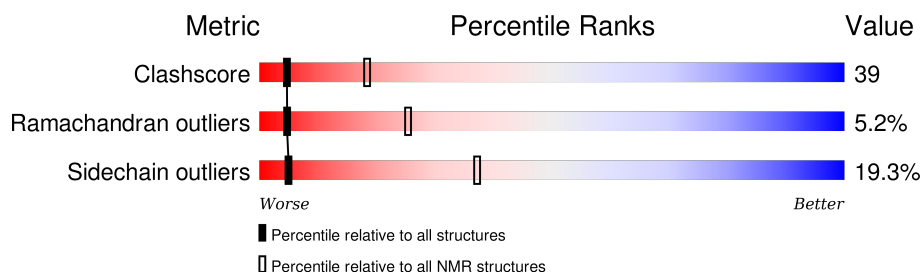
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

SOLUTION NMR

The overall completeness of chemical shifts assignment is 75%.

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	114402	11133
Ramachandran outliers	111179	9975
Sidechain outliers	111093	9958

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	198	

2 Ensemble composition and analysis ⓘ

This entry contains 17 models. Model 1 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 8 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:2-A:195 (194)	0.46	1

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 2 clusters. No single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	1, 4, 5, 6, 7, 8, 10, 11, 12, 14, 15, 16, 17
2	2, 3, 9, 13

3 Entry composition [i](#)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 3161 atoms, of which 1610 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called OUTER ARM DYNEIN.

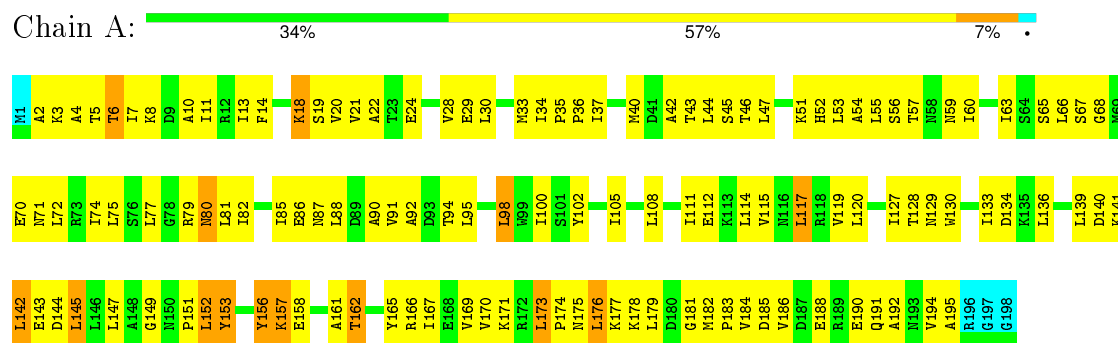
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	198	Total	C	H	N	O	S	0
			3161	975	1610	267	302	7	

4 Residue-property plots

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: OUTER ARM DYNEIN



4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

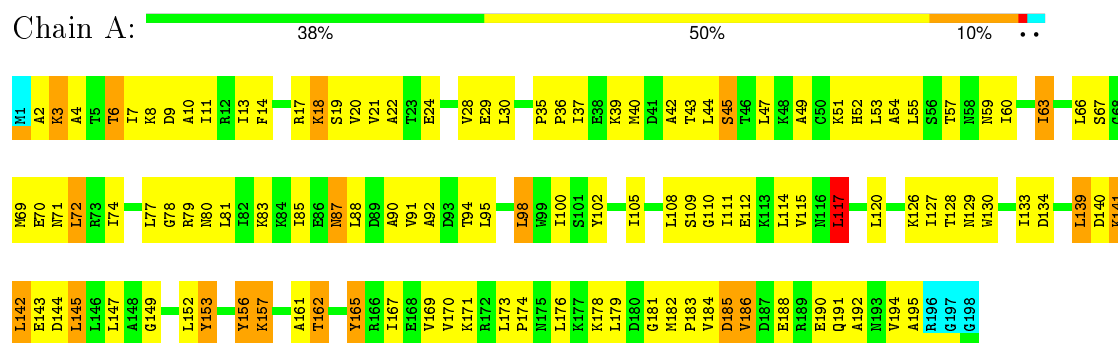
4.2.1 Score per residue for model 1 (medoid)

• Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



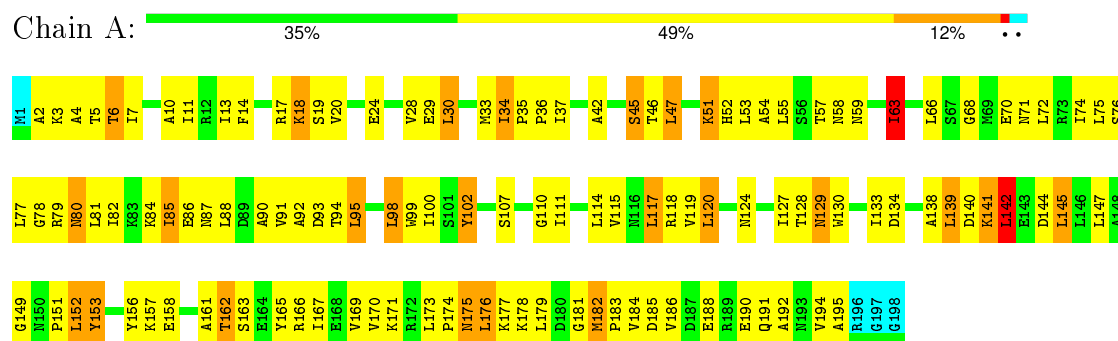
4.2.5 Score per residue for model 5

• Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



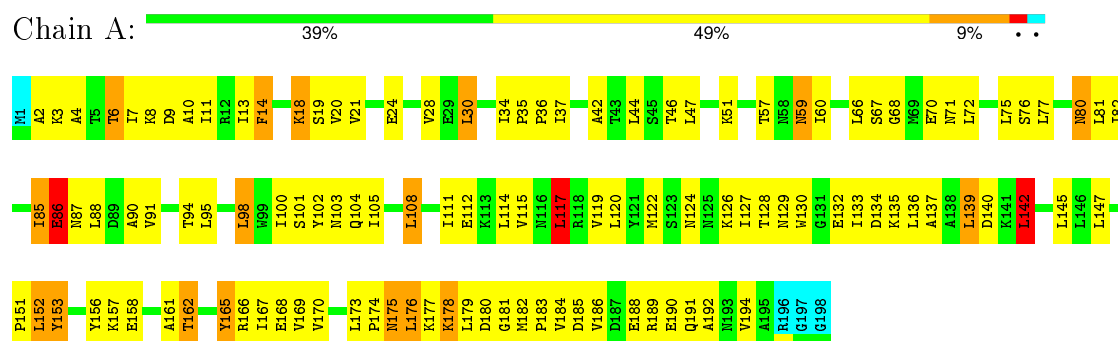
4.2.8 Score per residue for model 8

• Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



4.2.9 Score per residue for model 9

• Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



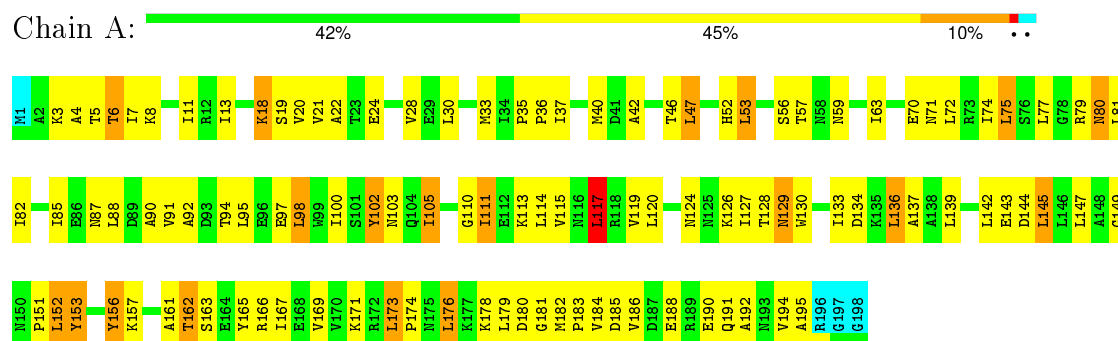
4.2.10 Score per residue for model 10

• Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



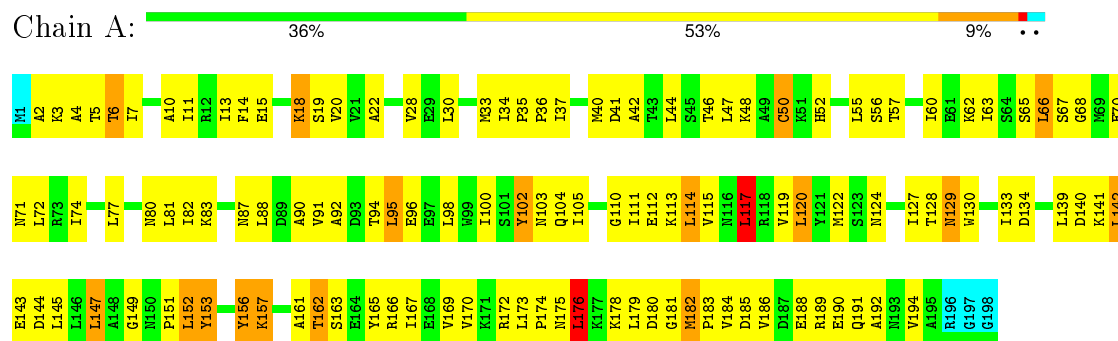
4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



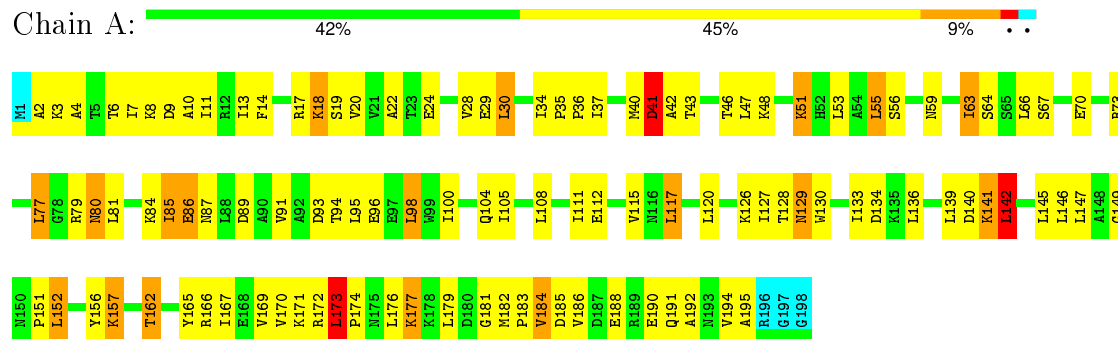
4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



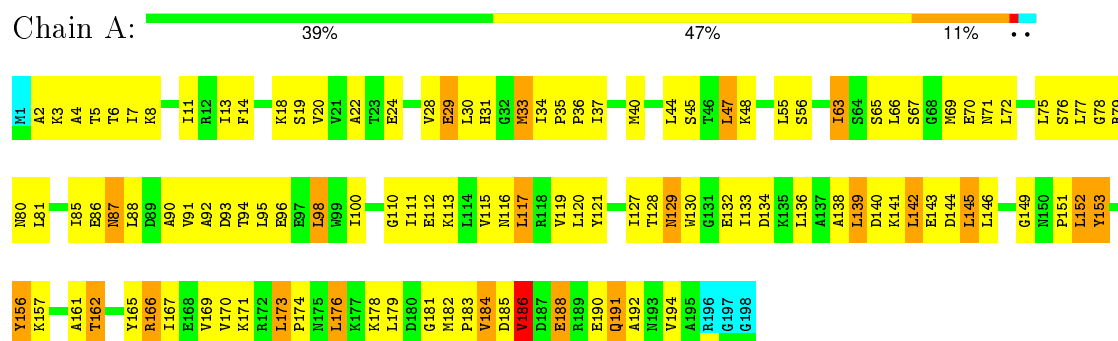
4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



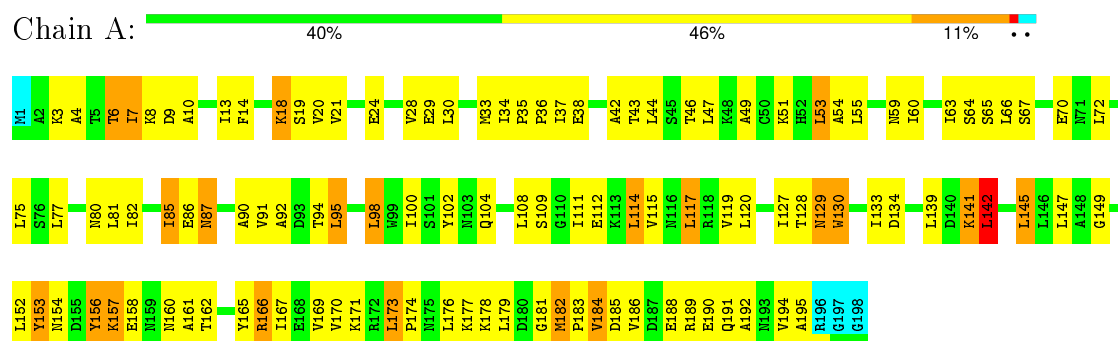
4.2.14 Score per residue for model 14

• Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



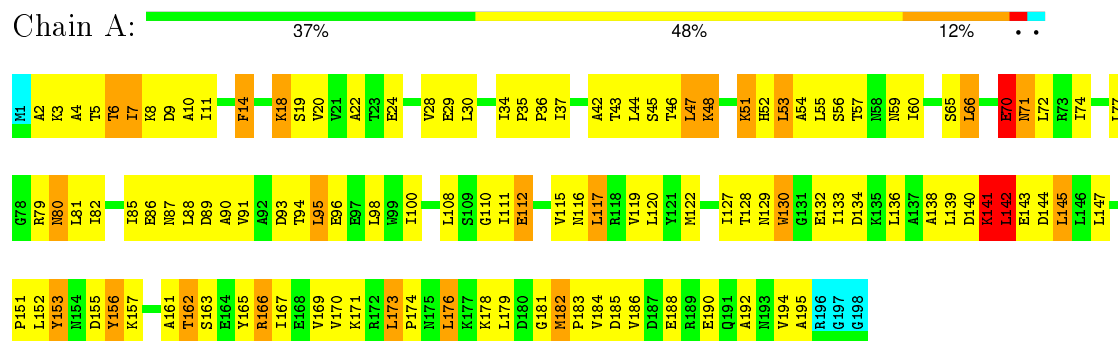
4.2.15 Score per residue for model 15

• Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



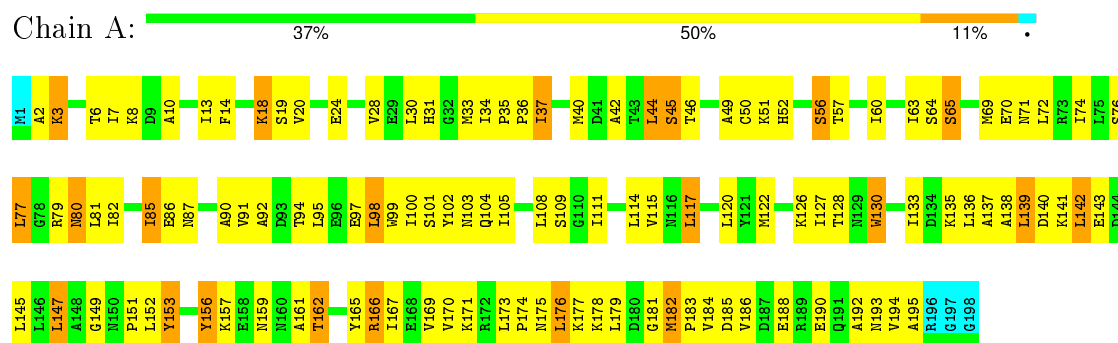
4.2.16 Score per residue for model 16

• Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



4.2.17 Score per residue for model 17

• Molecule 1: OUTER ARM DYNEIN



5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *simulated annealing, torsion angle dynamics*.

Of the 150 calculated structures, 17 were deposited, based on the following criterion: *structures with the least restraint violations, structures with the lowest energy, target function*.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR	refinement	4.0
DYANA	structure solution	1.5

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)	BMRB entry 4265
Number of chemical shift lists	1
Total number of shifts	2006
Number of shifts mapped to atoms	2006
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Assignment completeness (well-defined parts)	75%

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

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	1524	1582	1582	121±6
All	All	25908	26894	26894	2059

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 39.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:115:VAL:HG22	1:A:142:LEU:HD21	1.07	1.25	17	2
1:A:145:LEU:HD12	1:A:147:LEU:HD11	1.06	1.27	4	11
1:A:60:ILE:HD11	1:A:82:ILE:HG23	1.01	1.27	9	3
1:A:142:LEU:HD13	1:A:145:LEU:HD13	1.00	1.31	7	5
1:A:173:LEU:HD23	1:A:176:LEU:HD21	1.00	1.25	10	1
1:A:145:LEU:HD11	1:A:179:LEU:HD12	0.99	1.31	7	4
1:A:142:LEU:HD13	1:A:145:LEU:HD21	0.99	1.28	4	1
1:A:170:VAL:HG11	1:A:192:ALA:HB1	0.98	1.31	15	12
1:A:115:VAL:HG22	1:A:142:LEU:HD11	0.97	1.31	7	3
1:A:77:LEU:HD22	1:A:100:ILE:HG23	0.97	1.34	6	3
1:A:169:VAL:HG13	1:A:176:LEU:HD12	0.95	1.32	17	4
1:A:105:ILE:HD12	1:A:111:ILE:HG22	0.95	1.34	6	3
1:A:82:ILE:HG21	1:A:88:LEU:HD12	0.93	1.36	11	1
1:A:85:ILE:HG21	1:A:88:LEU:HD12	0.91	1.43	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:37:ILE:HG21	1:A:60:ILE:HG22	0.88	1.42	4	8
1:A:55:LEU:HD11	1:A:77:LEU:HD13	0.88	1.44	14	1
1:A:98:LEU:HD12	1:A:117:LEU:HD13	0.87	1.46	4	2
1:A:114:LEU:HD13	1:A:115:VAL:N	0.85	1.87	6	1
1:A:115:VAL:HG22	1:A:142:LEU:CD1	0.84	2.02	12	3
1:A:47:LEU:HD13	1:A:48:LYS:N	0.84	1.87	16	1
1:A:115:VAL:HG22	1:A:142:LEU:CD2	0.84	2.02	17	2
1:A:169:VAL:HG13	1:A:176:LEU:HD11	0.83	1.47	14	3
1:A:169:VAL:HG13	1:A:176:LEU:CD1	0.83	2.03	6	7
1:A:82:ILE:CG2	1:A:105:ILE:HG22	0.83	2.04	1	3
1:A:145:LEU:HD11	1:A:179:LEU:CD1	0.82	2.03	7	9
1:A:28:VAL:HG12	1:A:30:LEU:HD11	0.81	1.51	7	4
1:A:165:TYR:O	1:A:169:VAL:HG23	0.80	1.76	7	17
1:A:169:VAL:HG21	1:A:179:LEU:HB3	0.80	1.52	5	14
1:A:144:ASP:O	1:A:145:LEU:HD13	0.80	1.75	14	1
1:A:128:THR:HG22	1:A:151:PRO:CG	0.80	2.07	1	14
1:A:70:GLU:O	1:A:94:THR:HG21	0.80	1.76	16	14
1:A:107:SER:O	1:A:111:ILE:HG22	0.79	1.77	7	2
1:A:4:ALA:HB2	1:A:34:ILE:HG21	0.79	1.54	14	2
1:A:115:VAL:CG1	1:A:142:LEU:HD11	0.78	2.08	13	2
1:A:173:LEU:HD23	1:A:176:LEU:CD2	0.78	2.07	10	1
1:A:188:GLU:O	1:A:192:ALA:HB3	0.78	1.79	12	17
1:A:20:VAL:HG21	1:A:30:LEU:HD23	0.78	1.56	3	1
1:A:115:VAL:O	1:A:142:LEU:HD11	0.78	1.79	6	5
1:A:114:LEU:HD23	1:A:115:VAL:N	0.78	1.94	12	3
1:A:28:VAL:HG12	1:A:30:LEU:HD13	0.78	1.56	14	2
1:A:169:VAL:HG22	1:A:173:LEU:HD12	0.77	1.53	5	3
1:A:42:ALA:O	1:A:46:THR:HG23	0.77	1.79	17	2
1:A:47:LEU:HD23	1:A:68:GLY:O	0.77	1.79	7	3
1:A:95:LEU:O	1:A:117:LEU:HD11	0.77	1.79	16	5
1:A:2:ALA:CB	1:A:13:ILE:HG22	0.77	2.09	5	3
1:A:66:LEU:CD2	1:A:90:ALA:HB2	0.77	2.08	8	1
1:A:190:GLU:O	1:A:194:VAL:HG23	0.77	1.80	14	15
1:A:138:ALA:CB	1:A:142:LEU:HD23	0.77	2.08	14	1
1:A:111:ILE:HD11	1:A:137:ALA:HB2	0.77	1.57	1	3
1:A:145:LEU:CD1	1:A:147:LEU:HD11	0.76	2.09	4	3
1:A:170:VAL:HG21	1:A:192:ALA:HB1	0.76	1.57	14	2
1:A:42:ALA:O	1:A:46:THR:HG22	0.76	1.81	8	12
1:A:173:LEU:HD13	1:A:176:LEU:HD12	0.75	1.57	8	1
1:A:98:LEU:HD13	1:A:117:LEU:HD13	0.75	1.57	13	1
1:A:163:SER:O	1:A:167:ILE:HD12	0.75	1.81	12	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:129:ASN:HB2	1:A:133:ILE:HD12	0.75	1.59	8	7
1:A:129:ASN:CB	1:A:133:ILE:HD12	0.75	2.10	2	9
1:A:130:TRP:N	1:A:152:LEU:HD11	0.74	1.97	11	9
1:A:95:LEU:HD22	1:A:98:LEU:HD12	0.74	1.60	9	2
1:A:44:LEU:O	1:A:47:LEU:HD12	0.74	1.82	16	1
1:A:2:ALA:O	1:A:34:ILE:HD13	0.74	1.81	4	1
1:A:47:LEU:HD21	1:A:71:ASN:CB	0.74	2.11	3	3
1:A:20:VAL:HG21	1:A:30:LEU:HD12	0.74	1.57	13	6
1:A:128:THR:HG22	1:A:151:PRO:HG2	0.74	1.57	2	14
1:A:80:ASN:C	1:A:81:LEU:HD12	0.74	2.04	5	5
1:A:7:ILE:HD12	1:A:45:SER:HB2	0.74	1.60	10	5
1:A:2:ALA:HB1	1:A:14:PHE:CD1	0.74	2.18	6	2
1:A:98:LEU:HD12	1:A:117:LEU:CD1	0.73	2.13	14	2
1:A:181:GLY:O	1:A:184:VAL:HG23	0.73	1.82	7	12
1:A:77:LEU:HD21	1:A:80:ASN:CG	0.73	2.04	5	7
1:A:77:LEU:HD23	1:A:100:ILE:HG22	0.73	1.58	15	4
1:A:69:MET:HB3	1:A:91:VAL:HG22	0.73	1.59	10	2
1:A:69:MET:CB	1:A:91:VAL:HG22	0.73	2.13	6	2
1:A:176:LEU:HD11	1:A:179:LEU:HD23	0.72	1.58	2	1
1:A:142:LEU:HD23	1:A:145:LEU:HD22	0.72	1.60	11	2
1:A:4:ALA:HB2	1:A:37:ILE:HD12	0.72	1.60	7	10
1:A:85:ILE:HD13	1:A:86:GLU:N	0.72	2.00	2	8
1:A:82:ILE:HG23	1:A:105:ILE:HG22	0.72	1.61	12	1
1:A:28:VAL:CG1	1:A:30:LEU:HD11	0.72	2.14	7	7
1:A:111:ILE:HG21	1:A:133:ILE:CD1	0.72	2.13	1	2
1:A:100:ILE:HD12	1:A:103:ASN:CG	0.72	2.05	9	4
1:A:60:ILE:HD12	1:A:82:ILE:CD1	0.72	2.14	17	1
1:A:95:LEU:HD13	1:A:98:LEU:HD21	0.72	1.61	2	1
1:A:169:VAL:CG1	1:A:176:LEU:HD22	0.72	2.15	13	1
1:A:141:LYS:O	1:A:142:LEU:O	0.71	2.07	13	9
1:A:95:LEU:HD23	1:A:96:GLU:N	0.71	2.01	14	1
1:A:178:LYS:HE2	1:A:184:VAL:HG21	0.71	1.60	9	1
1:A:120:LEU:HD21	1:A:122:MET:CE	0.71	2.16	10	1
1:A:60:ILE:HD11	1:A:82:ILE:HG12	0.71	1.62	10	3
1:A:77:LEU:HD11	1:A:80:ASN:HB3	0.71	1.61	17	13
1:A:28:VAL:CG1	1:A:30:LEU:HD21	0.71	2.15	13	9
1:A:145:LEU:HD23	1:A:146:LEU:N	0.71	2.00	13	3
1:A:81:LEU:HD13	1:A:104:GLN:HB2	0.71	1.62	17	1
1:A:142:LEU:HD13	1:A:145:LEU:CD2	0.70	2.14	4	1
1:A:34:ILE:O	1:A:34:ILE:HD12	0.70	1.86	6	1
1:A:111:ILE:HD11	1:A:137:ALA:CB	0.70	2.17	1	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:95:LEU:HB3	1:A:117:LEU:HD21	0.70	1.64	6	2
1:A:77:LEU:CD2	1:A:100:ILE:HG23	0.70	2.16	6	4
1:A:63:ILE:HD13	1:A:64:SER:N	0.70	2.01	6	1
1:A:171:LYS:NZ	1:A:195:ALA:HB1	0.70	2.01	15	7
1:A:20:VAL:HG21	1:A:30:LEU:HD22	0.70	1.62	5	2
1:A:92:ALA:HA	1:A:117:LEU:HD12	0.70	1.64	4	2
1:A:181:GLY:O	1:A:184:VAL:HG13	0.69	1.86	17	4
1:A:70:GLU:CB	1:A:90:ALA:HB1	0.69	2.17	4	10
1:A:142:LEU:O	1:A:176:LEU:HD22	0.69	1.87	9	2
1:A:169:VAL:HG13	1:A:176:LEU:HD22	0.69	1.62	13	1
1:A:114:LEU:O	1:A:117:LEU:HD22	0.69	1.86	3	1
1:A:153:TYR:CZ	1:A:162:THR:HG23	0.69	2.22	8	4
1:A:66:LEU:HD22	1:A:67:SER:N	0.69	2.03	12	1
1:A:28:VAL:HG12	1:A:30:LEU:CD1	0.69	2.17	7	5
1:A:70:GLU:C	1:A:94:THR:HG21	0.69	2.08	10	10
1:A:37:ILE:CG2	1:A:60:ILE:HG23	0.69	2.18	2	1
1:A:70:GLU:CG	1:A:90:ALA:HB1	0.69	2.17	7	8
1:A:134:ASP:O	1:A:139:LEU:HD22	0.69	1.88	11	14
1:A:173:LEU:CD1	1:A:176:LEU:HD11	0.69	2.18	7	1
1:A:29:GLU:HA	1:A:54:ALA:HB3	0.69	1.65	8	8
1:A:47:LEU:HD21	1:A:71:ASN:HB2	0.68	1.65	8	4
1:A:3:LYS:HB2	1:A:13:ILE:HG21	0.68	1.64	12	2
1:A:167:ILE:HG22	1:A:171:LYS:HE2	0.68	1.64	1	3
1:A:14:PHE:CD1	1:A:30:LEU:HD22	0.68	2.22	3	2
1:A:111:ILE:O	1:A:115:VAL:HG22	0.68	1.88	1	3
1:A:3:LYS:HB3	1:A:13:ILE:HD13	0.68	1.64	7	4
1:A:162:THR:HG22	1:A:183:PRO:HG3	0.68	1.66	9	6
1:A:81:LEU:HD22	1:A:104:GLN:NE2	0.68	2.03	9	1
1:A:69:MET:HB2	1:A:91:VAL:HG22	0.68	1.64	6	1
1:A:138:ALA:HB1	1:A:142:LEU:HD23	0.68	1.65	14	1
1:A:4:ALA:CB	1:A:34:ILE:HG21	0.68	2.18	14	2
1:A:173:LEU:HD13	1:A:174:PRO:HD2	0.68	1.65	2	1
1:A:44:LEU:HD12	1:A:45:SER:N	0.67	2.04	6	2
1:A:145:LEU:N	1:A:145:LEU:HD22	0.67	2.03	14	1
1:A:92:ALA:O	1:A:117:LEU:HD12	0.67	1.88	11	2
1:A:115:VAL:HG12	1:A:142:LEU:HD11	0.67	1.64	15	1
1:A:11:ILE:HG23	1:A:22:ALA:HB3	0.67	1.65	14	12
1:A:90:ALA:O	1:A:94:THR:HG22	0.67	1.89	8	4
1:A:142:LEU:CD1	1:A:145:LEU:HD13	0.67	2.18	5	2
1:A:44:LEU:HD12	1:A:65:SER:OG	0.67	1.89	2	1
1:A:53:LEU:HD22	1:A:72:LEU:HD21	0.67	1.66	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:7:ILE:HD12	1:A:45:SER:CB	0.67	2.20	10	5
1:A:66:LEU:HD21	1:A:90:ALA:HB2	0.67	1.65	8	1
1:A:63:ILE:HD11	1:A:87:ASN:HB2	0.67	1.66	10	1
1:A:140:ASP:HA	1:A:173:LEU:HD11	0.67	1.65	12	1
1:A:91:VAL:HG22	1:A:95:LEU:CD1	0.66	2.20	2	1
1:A:77:LEU:HG	1:A:100:ILE:HG22	0.66	1.65	11	1
1:A:144:ASP:C	1:A:145:LEU:HD13	0.66	2.09	14	1
1:A:134:ASP:O	1:A:139:LEU:HD13	0.66	1.90	16	11
1:A:98:LEU:HD22	1:A:100:ILE:HD11	0.66	1.68	10	2
1:A:77:LEU:HB3	1:A:100:ILE:HG22	0.66	1.67	2	5
1:A:91:VAL:HG12	1:A:95:LEU:HD12	0.66	1.66	6	1
1:A:176:LEU:HD22	1:A:179:LEU:HB2	0.66	1.67	8	2
1:A:52:HIS:CE1	1:A:74:ILE:HG21	0.66	2.24	8	5
1:A:72:LEU:HB3	1:A:95:LEU:HD12	0.66	1.64	14	3
1:A:140:ASP:HA	1:A:173:LEU:HD21	0.66	1.66	5	2
1:A:169:VAL:CG2	1:A:179:LEU:HD23	0.66	2.20	10	10
1:A:111:ILE:HD12	1:A:112:GLU:N	0.66	2.06	4	11
1:A:14:PHE:O	1:A:20:VAL:HG22	0.66	1.91	6	14
1:A:167:ILE:HG23	1:A:192:ALA:HA	0.66	1.66	12	13
1:A:53:LEU:HD12	1:A:55:LEU:HD11	0.66	1.67	16	1
1:A:34:ILE:HD13	1:A:36:PRO:HG2	0.66	1.67	6	1
1:A:116:ASN:HA	1:A:142:LEU:HD21	0.66	1.67	14	2
1:A:91:VAL:HG12	1:A:95:LEU:CD1	0.66	2.20	6	1
1:A:115:VAL:HG12	1:A:142:LEU:HD21	0.66	1.65	8	1
1:A:127:ILE:HG22	1:A:152:LEU:HD13	0.65	1.65	8	6
1:A:171:LYS:HD3	1:A:195:ALA:HB1	0.65	1.67	5	2
1:A:114:LEU:HD23	1:A:115:VAL:HG23	0.65	1.66	15	1
1:A:53:LEU:HD22	1:A:55:LEU:HD23	0.65	1.69	15	1
1:A:114:LEU:O	1:A:120:LEU:HD13	0.65	1.91	9	2
1:A:145:LEU:HD21	1:A:176:LEU:HD21	0.65	1.66	16	4
1:A:170:VAL:HG11	1:A:192:ALA:HB2	0.65	1.67	1	1
1:A:117:LEU:HB2	1:A:120:LEU:HD21	0.65	1.66	14	1
1:A:10:ALA:CB	1:A:42:ALA:HB2	0.65	2.22	8	4
1:A:173:LEU:HD22	1:A:176:LEU:HB2	0.65	1.69	5	1
1:A:91:VAL:HG13	1:A:95:LEU:HD13	0.65	1.68	8	2
1:A:173:LEU:HD21	1:A:176:LEU:O	0.65	1.92	11	1
1:A:59:ASN:OD1	1:A:81:LEU:HD13	0.65	1.91	1	3
1:A:95:LEU:HB3	1:A:117:LEU:HD11	0.65	1.68	4	2
1:A:77:LEU:HD23	1:A:100:ILE:CG2	0.64	2.22	3	2
1:A:142:LEU:CD1	1:A:145:LEU:HD21	0.64	2.15	4	1
1:A:4:ALA:HB2	1:A:34:ILE:CG2	0.64	2.22	14	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:69:MET:O	1:A:91:VAL:HG12	0.64	1.92	14	1
1:A:142:LEU:O	1:A:142:LEU:HD13	0.64	1.91	1	1
1:A:66:LEU:HD12	1:A:67:SER:N	0.64	2.07	7	11
1:A:2:ALA:HB3	1:A:13:ILE:HG22	0.64	1.69	5	1
1:A:92:ALA:HA	1:A:117:LEU:HD13	0.64	1.70	17	3
1:A:111:ILE:CD1	1:A:133:ILE:HD13	0.64	2.23	2	2
1:A:75:LEU:HD23	1:A:98:LEU:HD21	0.64	1.68	8	2
1:A:169:VAL:HG13	1:A:176:LEU:HB3	0.64	1.70	2	3
1:A:63:ILE:HD12	1:A:87:ASN:CB	0.64	2.22	6	1
1:A:111:ILE:HD12	1:A:133:ILE:HD13	0.64	1.70	2	2
1:A:55:LEU:HD22	1:A:55:LEU:N	0.64	2.07	13	1
1:A:82:ILE:HG22	1:A:105:ILE:HG13	0.64	1.70	4	1
1:A:69:MET:CG	1:A:72:LEU:HD12	0.64	2.23	17	1
1:A:130:TRP:N	1:A:152:LEU:HD21	0.63	2.08	2	8
1:A:47:LEU:HD12	1:A:68:GLY:O	0.63	1.93	6	2
1:A:170:VAL:HG11	1:A:192:ALA:CB	0.63	2.23	13	6
1:A:142:LEU:HB2	1:A:176:LEU:HD12	0.63	1.69	13	1
1:A:167:ILE:HG13	1:A:192:ALA:HB2	0.63	1.68	16	2
1:A:37:ILE:HG21	1:A:60:ILE:CG2	0.63	2.21	12	1
1:A:47:LEU:HD11	1:A:71:ASN:CB	0.63	2.24	3	2
1:A:70:GLU:HG3	1:A:90:ALA:HB1	0.63	1.69	7	6
1:A:170:VAL:O	1:A:173:LEU:HD23	0.63	1.93	1	1
1:A:72:LEU:O	1:A:95:LEU:HD12	0.63	1.94	8	3
1:A:75:LEU:HD23	1:A:98:LEU:CD2	0.63	2.23	8	1
1:A:63:ILE:HG21	1:A:87:ASN:OD1	0.63	1.93	12	1
1:A:34:ILE:HG23	1:A:37:ILE:HB	0.63	1.70	14	2
1:A:59:ASN:ND2	1:A:81:LEU:HD12	0.63	2.08	9	2
1:A:145:LEU:N	1:A:145:LEU:HD23	0.63	2.09	17	4
1:A:145:LEU:HD23	1:A:145:LEU:N	0.62	2.09	15	6
1:A:47:LEU:HD12	1:A:48:LYS:N	0.62	2.09	12	2
1:A:2:ALA:HB1	1:A:14:PHE:CE1	0.62	2.28	14	6
1:A:20:VAL:HG11	1:A:30:LEU:HD23	0.62	1.70	6	2
1:A:119:VAL:HG23	1:A:144:ASP:HB3	0.62	1.69	10	6
1:A:171:LYS:CE	1:A:195:ALA:HB1	0.62	2.24	8	6
1:A:117:LEU:CB	1:A:120:LEU:HD11	0.62	2.24	1	1
1:A:115:VAL:HG12	1:A:142:LEU:CD2	0.62	2.24	8	1
1:A:127:ILE:CG2	1:A:133:ILE:HD13	0.62	2.24	11	11
1:A:54:ALA:O	1:A:55:LEU:HD22	0.62	1.93	5	2
1:A:82:ILE:CG2	1:A:88:LEU:HD12	0.62	2.17	11	1
1:A:120:LEU:N	1:A:120:LEU:HD22	0.62	2.09	15	2
1:A:88:LEU:HD12	1:A:114:LEU:HB3	0.62	1.70	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:98:LEU:HD23	1:A:117:LEU:HD13	0.62	1.71	2	1
1:A:111:ILE:O	1:A:115:VAL:HG12	0.62	1.94	6	5
1:A:43:THR:HG21	1:A:69:MET:HG3	0.62	1.72	7	1
1:A:87:ASN:O	1:A:91:VAL:HG23	0.62	1.93	1	8
1:A:100:ILE:HD13	1:A:120:LEU:HD11	0.62	1.70	3	1
1:A:2:ALA:HB3	1:A:14:PHE:CE2	0.62	2.28	10	2
1:A:119:VAL:C	1:A:120:LEU:HD22	0.62	2.16	14	2
1:A:115:VAL:O	1:A:142:LEU:HD23	0.62	1.95	1	1
1:A:60:ILE:HD11	1:A:82:ILE:CG2	0.61	2.15	9	1
1:A:82:ILE:HD13	1:A:83:LYS:N	0.61	2.09	4	1
1:A:18:LYS:HE3	1:A:20:VAL:HG13	0.61	1.70	6	15
1:A:171:LYS:NZ	1:A:195:ALA:HB3	0.61	2.11	4	1
1:A:169:VAL:HG21	1:A:179:LEU:CB	0.61	2.25	5	6
1:A:28:VAL:HG12	1:A:30:LEU:HG	0.61	1.71	5	3
1:A:88:LEU:HD22	1:A:114:LEU:HB3	0.61	1.70	8	1
1:A:77:LEU:HD21	1:A:80:ASN:ND2	0.61	2.10	17	5
1:A:115:VAL:HG11	1:A:137:ALA:O	0.61	1.95	4	1
1:A:77:LEU:CG	1:A:100:ILE:HG22	0.61	2.25	11	1
1:A:132:GLU:HB2	1:A:136:LEU:HD12	0.61	1.72	9	1
1:A:70:GLU:HB2	1:A:90:ALA:HB1	0.61	1.73	17	7
1:A:140:ASP:HA	1:A:173:LEU:HD22	0.61	1.73	9	1
1:A:169:VAL:HG22	1:A:173:LEU:CD1	0.61	2.25	5	1
1:A:111:ILE:HA	1:A:114:LEU:HD22	0.61	1.73	15	3
1:A:3:LYS:CB	1:A:13:ILE:HG21	0.61	2.25	12	1
1:A:28:VAL:CG1	1:A:30:LEU:HD13	0.60	2.26	14	2
1:A:87:ASN:O	1:A:91:VAL:HG22	0.60	1.96	16	5
1:A:105:ILE:CD1	1:A:111:ILE:HG22	0.60	2.26	17	2
1:A:115:VAL:HG22	1:A:142:LEU:HD22	0.60	1.71	11	1
1:A:169:VAL:HG21	1:A:179:LEU:HB2	0.60	1.73	2	1
1:A:169:VAL:HG22	1:A:179:LEU:HD23	0.60	1.73	11	2
1:A:34:ILE:HD12	1:A:36:PRO:HG2	0.60	1.72	12	2
1:A:30:LEU:N	1:A:30:LEU:HD22	0.60	2.11	13	5
1:A:63:ILE:HG21	1:A:87:ASN:HB2	0.60	1.72	15	1
1:A:63:ILE:HD11	1:A:87:ASN:CB	0.60	2.26	10	1
1:A:88:LEU:HD13	1:A:114:LEU:HD23	0.60	1.74	8	1
1:A:169:VAL:CG1	1:A:176:LEU:HD12	0.60	2.27	7	1
1:A:3:LYS:HA	1:A:34:ILE:HD13	0.60	1.73	17	3
1:A:2:ALA:O	1:A:34:ILE:HG23	0.60	1.96	16	2
1:A:138:ALA:HB3	1:A:142:LEU:CD2	0.60	2.26	16	2
1:A:95:LEU:HG	1:A:98:LEU:HD11	0.60	1.72	13	1
1:A:80:ASN:C	1:A:81:LEU:HD22	0.60	2.17	12	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:LEU:HD11	1:A:80:ASN:CG	0.60	2.16	6	1
1:A:145:LEU:CD2	1:A:147:LEU:HD11	0.60	2.26	12	1
1:A:114:LEU:CD2	1:A:115:VAL:HG23	0.60	2.26	15	1
1:A:156:TYR:CD1	1:A:161:ALA:HB2	0.59	2.32	16	5
1:A:165:TYR:HB3	1:A:179:LEU:HD23	0.59	1.72	9	1
1:A:104:GLN:O	1:A:105:ILE:HD13	0.59	1.96	13	1
1:A:111:ILE:O	1:A:115:VAL:HG13	0.59	1.97	9	2
1:A:141:LYS:HA	1:A:176:LEU:HD23	0.59	1.74	6	1
1:A:81:LEU:N	1:A:81:LEU:HD22	0.59	2.12	12	2
1:A:11:ILE:HD13	1:A:24:GLU:N	0.59	2.12	8	8
1:A:171:LYS:CD	1:A:195:ALA:HB1	0.59	2.27	5	1
1:A:105:ILE:HD13	1:A:105:ILE:N	0.59	2.12	11	2
1:A:96:GLU:CA	1:A:117:LEU:HD21	0.59	2.27	12	1
1:A:142:LEU:HD13	1:A:145:LEU:HD22	0.59	1.74	12	2
1:A:47:LEU:HD13	1:A:48:LYS:H	0.59	1.54	16	1
1:A:75:LEU:HB2	1:A:95:LEU:HD11	0.59	1.75	10	1
1:A:47:LEU:C	1:A:47:LEU:HD22	0.59	2.18	16	1
1:A:137:ALA:O	1:A:142:LEU:HD11	0.59	1.98	17	1
1:A:173:LEU:HD13	1:A:176:LEU:CD1	0.59	2.28	8	1
1:A:127:ILE:HG21	1:A:133:ILE:HG21	0.59	1.75	1	3
1:A:85:ILE:HD12	1:A:110:GLY:N	0.59	2.13	16	1
1:A:111:ILE:HD12	1:A:133:ILE:CD1	0.59	2.27	2	1
1:A:63:ILE:HD12	1:A:63:ILE:O	0.58	1.98	2	1
1:A:14:PHE:CE1	1:A:30:LEU:HD22	0.58	2.32	3	1
1:A:37:ILE:HD11	1:A:40:MET:SD	0.58	2.37	17	4
1:A:142:LEU:HD22	1:A:145:LEU:HB3	0.58	1.75	9	1
1:A:142:LEU:CD2	1:A:145:LEU:HD22	0.58	2.28	11	2
1:A:30:LEU:HD22	1:A:30:LEU:N	0.58	2.13	11	4
1:A:115:VAL:HG13	1:A:145:LEU:CD1	0.58	2.28	10	1
1:A:80:ASN:O	1:A:81:LEU:HD23	0.58	1.98	9	2
1:A:95:LEU:C	1:A:117:LEU:HD11	0.58	2.18	8	2
1:A:173:LEU:HD12	1:A:173:LEU:N	0.58	2.13	10	1
1:A:77:LEU:HD11	1:A:80:ASN:CB	0.58	2.29	9	6
1:A:88:LEU:HD22	1:A:110:GLY:HA2	0.58	1.75	12	1
1:A:72:LEU:HD22	1:A:75:LEU:CD2	0.58	2.28	11	1
1:A:7:ILE:HG21	1:A:45:SER:CB	0.58	2.29	8	2
1:A:115:VAL:CG2	1:A:142:LEU:HD21	0.58	2.17	17	1
1:A:142:LEU:HD23	1:A:143:GLU:N	0.58	2.13	6	1
1:A:77:LEU:HD23	1:A:100:ILE:HG23	0.58	1.74	3	1
1:A:3:LYS:CB	1:A:13:ILE:HD13	0.58	2.29	7	3
1:A:115:VAL:HG22	1:A:142:LEU:HD12	0.58	1.74	12	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:115:VAL:O	1:A:142:LEU:HD21	0.58	1.99	15	7
1:A:4:ALA:HB1	1:A:37:ILE:HD13	0.58	1.76	1	1
1:A:47:LEU:HD11	1:A:71:ASN:HB2	0.58	1.74	3	2
1:A:117:LEU:HB2	1:A:120:LEU:HD11	0.58	1.74	2	2
1:A:95:LEU:HD23	1:A:117:LEU:HD21	0.58	1.75	15	2
1:A:145:LEU:HD21	1:A:147:LEU:HD21	0.58	1.76	2	2
1:A:60:ILE:CD1	1:A:82:ILE:HG23	0.57	2.18	9	1
1:A:126:LYS:O	1:A:127:ILE:HD13	0.57	1.99	4	1
1:A:47:LEU:HD22	1:A:47:LEU:O	0.57	1.99	8	2
1:A:60:ILE:HD12	1:A:82:ILE:HD12	0.57	1.75	17	1
1:A:66:LEU:HD23	1:A:90:ALA:HB2	0.57	1.74	12	2
1:A:66:LEU:C	1:A:66:LEU:HD22	0.57	2.20	12	1
1:A:173:LEU:HD13	1:A:176:LEU:HD13	0.57	1.76	5	1
1:A:140:ASP:CA	1:A:173:LEU:HD21	0.57	2.29	2	2
1:A:95:LEU:CD2	1:A:117:LEU:HD21	0.57	2.29	15	1
1:A:184:VAL:HG13	1:A:188:GLU:HG2	0.57	1.75	7	3
1:A:43:THR:HG22	1:A:68:GLY:HA3	0.57	1.75	1	4
1:A:7:ILE:HG23	1:A:42:ALA:HA	0.57	1.76	8	3
1:A:2:ALA:HB1	1:A:13:ILE:HG22	0.57	1.77	10	3
1:A:37:ILE:HD11	1:A:40:MET:HG2	0.57	1.76	1	1
1:A:176:LEU:HD23	1:A:177:LYS:N	0.57	2.15	13	3
1:A:169:VAL:HG12	1:A:173:LEU:CD1	0.57	2.29	16	1
1:A:111:ILE:HD13	1:A:111:ILE:C	0.56	2.19	7	1
1:A:115:VAL:HB	1:A:142:LEU:HD11	0.56	1.77	9	1
1:A:75:LEU:HB3	1:A:98:LEU:HD13	0.56	1.76	2	1
1:A:63:ILE:HD12	1:A:87:ASN:HB2	0.56	1.77	13	2
1:A:53:LEU:HD23	1:A:55:LEU:HD21	0.56	1.77	13	1
1:A:105:ILE:HD12	1:A:111:ILE:CG2	0.56	2.20	6	2
1:A:142:LEU:HD12	1:A:145:LEU:HD22	0.56	1.76	8	1
1:A:53:LEU:CD2	1:A:55:LEU:HD23	0.56	2.30	15	1
1:A:2:ALA:O	1:A:34:ILE:HG21	0.56	2.01	12	1
1:A:20:VAL:HG11	1:A:30:LEU:HA	0.56	1.76	7	4
1:A:47:LEU:O	1:A:47:LEU:HD13	0.56	2.01	3	1
1:A:60:ILE:HG13	1:A:82:ILE:HD13	0.56	1.77	12	1
1:A:80:ASN:O	1:A:81:LEU:HD12	0.56	2.01	4	5
1:A:85:ILE:O	1:A:85:ILE:HG23	0.56	2.00	5	3
1:A:3:LYS:HB2	1:A:13:ILE:HD13	0.56	1.77	13	3
1:A:142:LEU:O	1:A:176:LEU:HA	0.56	2.01	8	3
1:A:111:ILE:C	1:A:111:ILE:HD13	0.56	2.21	1	2
1:A:142:LEU:HB3	1:A:145:LEU:HD22	0.55	1.78	9	4
1:A:100:ILE:HD12	1:A:122:MET:HE2	0.55	1.77	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:157:LYS:HB3	1:A:161:ALA:HB3	0.55	1.79	6	1
1:A:24:GLU:O	1:A:49:ALA:HB1	0.55	2.02	15	2
1:A:28:VAL:HG12	1:A:30:LEU:HD21	0.55	1.76	13	2
1:A:47:LEU:HD13	1:A:71:ASN:ND2	0.55	2.16	12	1
1:A:167:ILE:HG23	1:A:192:ALA:CA	0.55	2.31	7	3
1:A:153:TYR:CE1	1:A:162:THR:HG23	0.55	2.36	8	9
1:A:117:LEU:HB3	1:A:120:LEU:HD21	0.55	1.78	15	1
1:A:185:ASP:O	1:A:186:VAL:HG12	0.55	2.01	14	11
1:A:95:LEU:C	1:A:117:LEU:HD21	0.55	2.22	9	2
1:A:111:ILE:HD13	1:A:133:ILE:HG23	0.55	1.78	13	10
1:A:77:LEU:HD21	1:A:80:ASN:CB	0.54	2.32	14	6
1:A:145:LEU:CD1	1:A:179:LEU:HD12	0.54	2.20	7	2
1:A:70:GLU:HB3	1:A:90:ALA:HB1	0.54	1.79	12	1
1:A:20:VAL:HG21	1:A:30:LEU:CD2	0.54	2.33	6	4
1:A:145:LEU:HD22	1:A:147:LEU:CD1	0.54	2.32	10	2
1:A:173:LEU:HD22	1:A:176:LEU:CB	0.54	2.32	5	1
1:A:166:ARG:HG3	1:A:184:VAL:HG22	0.54	1.78	16	1
1:A:138:ALA:HB3	1:A:142:LEU:HD12	0.54	1.79	6	1
1:A:140:ASP:CA	1:A:173:LEU:HD11	0.54	2.31	12	1
1:A:77:LEU:HD22	1:A:80:ASN:ND2	0.54	2.16	1	1
1:A:20:VAL:HG11	1:A:30:LEU:CD2	0.54	2.33	5	2
1:A:29:GLU:C	1:A:30:LEU:HD12	0.54	2.23	14	2
1:A:173:LEU:CD2	1:A:176:LEU:HD21	0.54	2.15	10	1
1:A:170:VAL:CG1	1:A:192:ALA:HB1	0.54	2.32	3	8
1:A:114:LEU:O	1:A:117:LEU:HD13	0.54	2.02	6	1
1:A:72:LEU:CB	1:A:95:LEU:HD21	0.54	2.32	7	1
1:A:85:ILE:HG23	1:A:85:ILE:O	0.54	2.03	3	8
1:A:47:LEU:HD21	1:A:71:ASN:ND2	0.54	2.17	9	2
1:A:135:LYS:HG3	1:A:136:LEU:HD12	0.54	1.78	17	1
1:A:11:ILE:HD13	1:A:24:GLU:H	0.54	1.63	3	5
1:A:82:ILE:HD13	1:A:88:LEU:HD21	0.54	1.79	3	2
1:A:95:LEU:O	1:A:117:LEU:HD21	0.54	2.03	5	2
1:A:145:LEU:HD11	1:A:179:LEU:HD13	0.54	1.78	11	2
1:A:20:VAL:HG21	1:A:30:LEU:HG	0.54	1.80	14	1
1:A:186:VAL:HG22	1:A:186:VAL:O	0.54	2.03	13	6
1:A:115:VAL:HG12	1:A:142:LEU:CG	0.54	2.33	8	1
1:A:120:LEU:HD21	1:A:122:MET:SD	0.54	2.43	10	1
1:A:181:GLY:CA	1:A:184:VAL:HG23	0.54	2.33	2	5
1:A:66:LEU:HD11	1:A:86:GLU:O	0.54	2.02	16	1
1:A:47:LEU:HD13	1:A:47:LEU:C	0.54	2.23	3	1
1:A:34:ILE:HG23	1:A:34:ILE:O	0.54	2.03	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:82:ILE:HG21	1:A:88:LEU:HD11	0.54	1.79	2	3
1:A:169:VAL:HA	1:A:173:LEU:HD12	0.54	1.79	9	2
1:A:10:ALA:HB3	1:A:42:ALA:HB2	0.54	1.78	17	4
1:A:100:ILE:HD12	1:A:103:ASN:ND2	0.54	2.18	17	2
1:A:88:LEU:O	1:A:92:ALA:HB2	0.53	2.03	3	2
1:A:34:ILE:O	1:A:34:ILE:HG23	0.53	2.02	13	2
1:A:178:LYS:CE	1:A:184:VAL:HG21	0.53	2.34	9	1
1:A:111:ILE:HD13	1:A:137:ALA:HB2	0.53	1.79	4	1
1:A:63:ILE:O	1:A:63:ILE:HD12	0.53	2.04	7	1
1:A:43:THR:HG22	1:A:68:GLY:CA	0.53	2.32	1	4
1:A:153:TYR:OH	1:A:162:THR:HG23	0.53	2.02	9	1
1:A:82:ILE:HG21	1:A:105:ILE:HG22	0.53	1.80	1	1
1:A:4:ALA:HB1	1:A:37:ILE:HG13	0.53	1.81	15	2
1:A:7:ILE:HD13	1:A:7:ILE:C	0.53	2.24	16	3
1:A:138:ALA:O	1:A:142:LEU:HD23	0.53	2.03	4	1
1:A:114:LEU:HD12	1:A:115:VAL:N	0.53	2.17	17	2
1:A:186:VAL:O	1:A:186:VAL:HG22	0.53	2.04	11	4
1:A:98:LEU:HD13	1:A:117:LEU:HD22	0.53	1.78	12	1
1:A:95:LEU:HD12	1:A:98:LEU:CD2	0.53	2.33	7	1
1:A:88:LEU:HD22	1:A:110:GLY:CA	0.53	2.34	12	1
1:A:4:ALA:HB3	1:A:34:ILE:HD11	0.53	1.79	2	2
1:A:157:LYS:HB2	1:A:161:ALA:HB2	0.53	1.81	4	2
1:A:169:VAL:CG2	1:A:179:LEU:HD22	0.53	2.34	9	1
1:A:111:ILE:O	1:A:115:VAL:HG23	0.53	2.04	8	6
1:A:63:ILE:C	1:A:63:ILE:HD13	0.53	2.23	14	5
1:A:47:LEU:C	1:A:47:LEU:HD13	0.53	2.24	7	2
1:A:185:ASP:O	1:A:186:VAL:HG22	0.53	2.04	7	6
1:A:105:ILE:HD13	1:A:105:ILE:H	0.53	1.63	2	2
1:A:82:ILE:HG22	1:A:105:ILE:HG22	0.53	1.81	2	1
1:A:98:LEU:CB	1:A:120:LEU:HD23	0.53	2.34	2	1
1:A:70:GLU:HA	1:A:91:VAL:HG22	0.53	1.81	15	1
1:A:24:GLU:HG3	1:A:49:ALA:HB3	0.53	1.80	17	1
1:A:57:THR:HG23	1:A:57:THR:O	0.53	2.04	5	7
1:A:21:VAL:O	1:A:21:VAL:HG13	0.52	2.04	4	5
1:A:28:VAL:HG12	1:A:30:LEU:CD2	0.52	2.33	12	8
1:A:145:LEU:HD12	1:A:147:LEU:CD1	0.52	2.18	4	1
1:A:96:GLU:HA	1:A:117:LEU:HD21	0.52	1.81	12	1
1:A:4:ALA:CB	1:A:37:ILE:HD12	0.52	2.33	11	8
1:A:72:LEU:HD12	1:A:95:LEU:HD21	0.52	1.82	5	1
1:A:50:CYS:SG	1:A:72:LEU:HD21	0.52	2.44	12	2
1:A:55:LEU:HD12	1:A:56:SER:N	0.52	2.20	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:180:ASP:O	1:A:182:MET:N	0.52	2.42	9	2
1:A:79:ARG:NH1	1:A:81:LEU:HD11	0.52	2.19	1	1
1:A:6:THR:O	1:A:10:ALA:HB2	0.52	2.05	8	11
1:A:2:ALA:HB1	1:A:14:PHE:HE1	0.52	1.64	7	3
1:A:114:LEU:C	1:A:114:LEU:HD22	0.52	2.25	6	1
1:A:119:VAL:HG22	1:A:121:TYR:CE1	0.52	2.40	3	1
1:A:105:ILE:HD11	1:A:127:ILE:CG1	0.52	2.35	11	2
1:A:63:ILE:HG23	1:A:63:ILE:O	0.52	2.05	8	4
1:A:122:MET:CE	1:A:145:LEU:HD11	0.52	2.35	12	1
1:A:105:ILE:HD13	1:A:114:LEU:CD2	0.52	2.34	5	1
1:A:50:CYS:SG	1:A:72:LEU:HD11	0.52	2.45	12	1
1:A:44:LEU:HD11	1:A:65:SER:HB2	0.52	1.81	12	1
1:A:120:LEU:HD22	1:A:122:MET:CE	0.52	2.35	7	1
1:A:153:TYR:HH	1:A:165:TYR:CB	0.52	2.18	10	2
1:A:43:THR:HA	1:A:46:THR:HG22	0.52	1.81	6	5
1:A:117:LEU:HD12	1:A:118:ARG:N	0.52	2.20	10	1
1:A:135:LYS:HA	1:A:139:LEU:HD13	0.52	1.82	17	1
1:A:145:LEU:HD21	1:A:179:LEU:HD12	0.52	1.81	9	2
1:A:108:LEU:HD11	1:A:136:LEU:CD2	0.52	2.34	1	1
1:A:181:GLY:O	1:A:184:VAL:HG22	0.51	2.05	5	3
1:A:96:GLU:N	1:A:117:LEU:HD21	0.51	2.20	16	1
1:A:173:LEU:HD12	1:A:176:LEU:HB2	0.51	1.81	12	1
1:A:40:MET:HB3	1:A:43:THR:HG22	0.51	1.82	5	1
1:A:80:ASN:OD1	1:A:82:ILE:HD11	0.51	2.05	6	4
1:A:92:ALA:HB3	1:A:113:LYS:HB3	0.51	1.81	10	2
1:A:87:ASN:O	1:A:91:VAL:HG12	0.51	2.04	2	1
1:A:127:ILE:HB	1:A:152:LEU:HD12	0.51	1.81	17	1
1:A:47:LEU:HD22	1:A:50:CYS:HB2	0.51	1.81	3	1
1:A:98:LEU:CB	1:A:120:LEU:HD22	0.51	2.36	3	1
1:A:3:LYS:HG3	1:A:34:ILE:HD13	0.51	1.81	12	1
1:A:24:GLU:CG	1:A:49:ALA:HB3	0.51	2.35	17	1
1:A:176:LEU:HD11	1:A:179:LEU:HD13	0.51	1.82	5	2
1:A:37:ILE:HG23	1:A:60:ILE:HG23	0.51	1.82	2	1
1:A:82:ILE:HD12	1:A:84:LYS:O	0.51	2.05	4	1
1:A:167:ILE:HD11	1:A:191:GLN:HB3	0.51	1.82	13	3
1:A:167:ILE:HG22	1:A:171:LYS:HE3	0.51	1.82	15	2
1:A:173:LEU:HB3	1:A:176:LEU:HD21	0.51	1.83	7	1
1:A:142:LEU:HD13	1:A:145:LEU:CD1	0.51	2.31	5	2
1:A:108:LEU:HD21	1:A:136:LEU:HD23	0.51	1.82	16	1
1:A:91:VAL:HG22	1:A:95:LEU:HD11	0.51	1.81	2	1
1:A:77:LEU:HD12	1:A:78:GLY:N	0.51	2.21	14	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:138:ALA:HB3	1:A:142:LEU:HD23	0.51	1.82	16	3
1:A:72:LEU:HB3	1:A:95:LEU:HD21	0.51	1.82	7	2
1:A:117:LEU:C	1:A:117:LEU:HD12	0.51	2.25	10	1
1:A:47:LEU:HD21	1:A:71:ASN:HB3	0.51	1.83	3	1
1:A:100:ILE:HG21	1:A:103:ASN:HB3	0.51	1.82	3	2
1:A:2:ALA:HB2	1:A:14:PHE:CE1	0.51	2.40	9	2
1:A:142:LEU:HD22	1:A:143:GLU:N	0.51	2.21	1	1
1:A:91:VAL:O	1:A:95:LEU:HD23	0.51	2.05	13	1
1:A:139:LEU:HD21	1:A:165:TYR:CE2	0.51	2.40	11	1
1:A:173:LEU:O	1:A:173:LEU:HD12	0.51	2.06	1	1
1:A:63:ILE:O	1:A:63:ILE:HG23	0.50	2.05	14	3
1:A:35:PRO:N	1:A:36:PRO:CD	0.50	2.74	5	17
1:A:88:LEU:HD12	1:A:113:LYS:HD2	0.50	1.83	12	1
1:A:4:ALA:CB	1:A:37:ILE:HD13	0.50	2.36	1	1
1:A:77:LEU:HD12	1:A:78:GLY:H	0.50	1.66	14	3
1:A:82:ILE:HD13	1:A:83:LYS:H	0.50	1.65	4	1
1:A:63:ILE:HD13	1:A:63:ILE:C	0.50	2.27	4	2
1:A:115:VAL:HA	1:A:120:LEU:HD22	0.50	1.82	8	2
1:A:139:LEU:HD23	1:A:165:TYR:CE1	0.50	2.41	14	1
1:A:35:PRO:N	1:A:36:PRO:HD2	0.50	2.22	6	6
1:A:142:LEU:HD22	1:A:145:LEU:HD13	0.50	1.82	17	1
1:A:91:VAL:CG1	1:A:95:LEU:HD13	0.50	2.35	17	1
1:A:85:ILE:C	1:A:85:ILE:HD13	0.50	2.27	1	3
1:A:156:TYR:CD2	1:A:165:TYR:CE2	0.50	2.99	2	5
1:A:18:LYS:CE	1:A:20:VAL:HG13	0.50	2.36	5	2
1:A:139:LEU:O	1:A:176:LEU:HD12	0.50	2.07	2	1
1:A:135:LYS:HA	1:A:139:LEU:HD22	0.50	1.83	17	1
1:A:129:ASN:C	1:A:152:LEU:HD11	0.50	2.27	6	6
1:A:81:LEU:HD22	1:A:104:GLN:OE1	0.50	2.07	15	1
1:A:72:LEU:CB	1:A:95:LEU:HD23	0.50	2.36	4	2
1:A:100:ILE:HD12	1:A:120:LEU:HD21	0.50	1.83	12	1
1:A:85:ILE:HD13	1:A:85:ILE:C	0.50	2.26	4	6
1:A:30:LEU:HD22	1:A:30:LEU:H	0.50	1.67	2	4
1:A:98:LEU:CD2	1:A:117:LEU:HD13	0.50	2.37	2	1
1:A:69:MET:HG3	1:A:72:LEU:HD12	0.50	1.82	17	1
1:A:173:LEU:HD12	1:A:176:LEU:HD11	0.50	1.83	7	1
1:A:91:VAL:CG1	1:A:95:LEU:HD23	0.50	2.37	7	1
1:A:133:ILE:HG21	1:A:152:LEU:CD1	0.50	2.36	17	1
1:A:37:ILE:HD13	1:A:37:ILE:C	0.50	2.28	17	1
1:A:47:LEU:HD22	1:A:68:GLY:HA2	0.50	1.84	12	1
1:A:171:LYS:HE2	1:A:195:ALA:HB1	0.49	1.83	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:85:ILE:HD13	1:A:110:GLY:CA	0.49	2.37	5	3
1:A:103:ASN:HB2	1:A:105:ILE:HD11	0.49	1.83	9	1
1:A:44:LEU:HD12	1:A:65:SER:HB2	0.49	1.84	1	2
1:A:60:ILE:N	1:A:60:ILE:HD12	0.49	2.22	5	1
1:A:44:LEU:C	1:A:44:LEU:HD12	0.49	2.28	6	2
1:A:105:ILE:HB	1:A:127:ILE:HD11	0.49	1.83	4	1
1:A:30:LEU:H	1:A:30:LEU:HD22	0.49	1.66	9	4
1:A:7:ILE:HD13	1:A:7:ILE:O	0.49	2.06	15	2
1:A:44:LEU:HD12	1:A:65:SER:HB3	0.49	1.84	17	2
1:A:119:VAL:HG13	1:A:119:VAL:O	0.49	2.06	6	4
1:A:57:THR:O	1:A:57:THR:HG23	0.49	2.07	1	3
1:A:140:ASP:CA	1:A:173:LEU:HD22	0.49	2.37	9	2
1:A:37:ILE:HG23	1:A:37:ILE:O	0.49	2.08	12	2
1:A:108:LEU:O	1:A:108:LEU:HD13	0.49	2.08	9	1
1:A:4:ALA:CB	1:A:34:ILE:HD11	0.49	2.38	2	1
1:A:105:ILE:O	1:A:127:ILE:HD13	0.49	2.07	4	1
1:A:53:LEU:HD23	1:A:55:LEU:HD11	0.49	1.83	3	1
1:A:70:GLU:O	1:A:94:THR:HG23	0.49	2.08	12	1
1:A:81:LEU:HD22	1:A:104:GLN:HE21	0.49	1.62	9	1
1:A:147:LEU:HD12	1:A:180:ASP:HB2	0.49	1.83	12	2
1:A:170:VAL:HA	1:A:173:LEU:HD12	0.49	1.85	4	1
1:A:59:ASN:OD1	1:A:81:LEU:HD23	0.49	2.05	8	2
1:A:115:VAL:HG23	1:A:142:LEU:HD11	0.49	1.85	3	1
1:A:156:TYR:CE2	1:A:161:ALA:HB1	0.49	2.43	2	3
1:A:2:ALA:HB3	1:A:14:PHE:CE1	0.49	2.43	3	2
1:A:75:LEU:HD23	1:A:95:LEU:CD1	0.49	2.37	11	1
1:A:47:LEU:HD11	1:A:71:ASN:ND2	0.49	2.22	11	1
1:A:142:LEU:HB3	1:A:145:LEU:HD21	0.49	1.84	14	1
1:A:145:LEU:HD22	1:A:147:LEU:HG	0.49	1.84	1	3
1:A:69:MET:HG2	1:A:72:LEU:HD12	0.49	1.84	17	1
1:A:139:LEU:HD23	1:A:140:ASP:N	0.49	2.23	17	1
1:A:145:LEU:HD23	1:A:147:LEU:HD11	0.49	1.85	12	1
1:A:142:LEU:C	1:A:142:LEU:HD13	0.49	2.28	1	1
1:A:5:THR:HG22	1:A:6:THR:N	0.49	2.22	11	2
1:A:182:MET:N	1:A:183:PRO:CD	0.48	2.76	10	15
1:A:142:LEU:HD11	1:A:145:LEU:HB2	0.48	1.84	1	1
1:A:14:PHE:CD2	1:A:30:LEU:HD21	0.48	2.42	15	1
1:A:59:ASN:ND2	1:A:81:LEU:HD13	0.48	2.22	11	1
1:A:63:ILE:HD12	1:A:87:ASN:HB3	0.48	1.85	1	3
1:A:95:LEU:HD13	1:A:98:LEU:CD1	0.48	2.38	5	1
1:A:69:MET:HA	1:A:72:LEU:HD23	0.48	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:119:VAL:HG23	1:A:144:ASP:CB	0.48	2.38	16	4
1:A:115:VAL:HG21	1:A:137:ALA:O	0.48	2.08	11	1
1:A:114:LEU:O	1:A:120:LEU:HD22	0.48	2.08	4	2
1:A:98:LEU:HD12	1:A:117:LEU:HD22	0.48	1.86	15	2
1:A:136:LEU:O	1:A:136:LEU:HD13	0.48	2.08	11	1
1:A:21:VAL:HG22	1:A:21:VAL:O	0.48	2.08	3	3
1:A:46:THR:HG23	1:A:50:CYS:SG	0.48	2.49	4	1
1:A:77:LEU:HD23	1:A:78:GLY:N	0.48	2.23	6	2
1:A:66:LEU:N	1:A:66:LEU:HD13	0.48	2.24	12	1
1:A:169:VAL:HG13	1:A:176:LEU:HD13	0.48	1.85	11	1
1:A:108:LEU:HD22	1:A:108:LEU:N	0.48	2.24	7	2
1:A:37:ILE:O	1:A:37:ILE:HG23	0.48	2.08	6	3
1:A:37:ILE:CG2	1:A:60:ILE:HG22	0.48	2.28	4	1
1:A:130:TRP:HA	1:A:152:LEU:HD21	0.48	1.84	8	2
1:A:136:LEU:O	1:A:136:LEU:HD23	0.48	2.09	14	1
1:A:77:LEU:HD21	1:A:80:ASN:HB3	0.48	1.86	3	3
1:A:139:LEU:HD21	1:A:165:TYR:CZ	0.48	2.43	11	1
1:A:47:LEU:HD13	1:A:47:LEU:O	0.48	2.09	11	2
1:A:130:TRP:HA	1:A:152:LEU:HD11	0.48	1.83	7	3
1:A:145:LEU:HD22	1:A:147:LEU:CG	0.48	2.39	13	3
1:A:108:LEU:HD21	1:A:136:LEU:HD22	0.48	1.86	1	1
1:A:88:LEU:HD22	1:A:114:LEU:HD23	0.48	1.86	5	1
1:A:136:LEU:HD23	1:A:136:LEU:O	0.48	2.09	3	2
1:A:139:LEU:HD23	1:A:140:ASP:H	0.48	1.68	17	1
1:A:91:VAL:HG13	1:A:95:LEU:CD2	0.48	2.39	7	1
1:A:91:VAL:HG13	1:A:95:LEU:HD23	0.48	1.85	7	1
1:A:2:ALA:HB3	1:A:14:PHE:CD2	0.48	2.43	10	1
1:A:134:ASP:O	1:A:139:LEU:HD23	0.48	2.09	9	1
1:A:47:LEU:HD12	1:A:47:LEU:C	0.48	2.29	13	2
1:A:100:ILE:CD1	1:A:120:LEU:HD11	0.48	2.39	3	1
1:A:81:LEU:HD12	1:A:104:GLN:NE2	0.48	2.24	12	1
1:A:63:ILE:HG21	1:A:87:ASN:ND2	0.48	2.24	14	1
1:A:145:LEU:HD22	1:A:147:LEU:HD11	0.47	1.86	10	2
1:A:95:LEU:HB2	1:A:117:LEU:HD11	0.47	1.86	5	1
1:A:7:ILE:HD13	1:A:45:SER:CB	0.47	2.39	5	1
1:A:127:ILE:CG2	1:A:152:LEU:HD12	0.47	2.38	16	1
1:A:37:ILE:HG21	1:A:60:ILE:HG23	0.47	1.85	2	1
1:A:63:ILE:HG21	1:A:87:ASN:CG	0.47	2.29	11	1
1:A:156:TYR:CD1	1:A:161:ALA:CB	0.47	2.96	15	9
1:A:20:VAL:HG21	1:A:30:LEU:CD1	0.47	2.39	12	2
1:A:108:LEU:HD11	1:A:136:LEU:HD22	0.47	1.84	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:52:HIS:NE2	1:A:74:ILE:HG22	0.47	2.25	1	1
1:A:10:ALA:HB1	1:A:14:PHE:CZ	0.47	2.44	5	2
1:A:72:LEU:HB2	1:A:95:LEU:HD21	0.47	1.85	16	1
1:A:166:ARG:NH1	1:A:169:VAL:HG11	0.47	2.24	15	1
1:A:111:ILE:HG21	1:A:127:ILE:HD13	0.47	1.86	14	1
1:A:167:ILE:HD11	1:A:191:GLN:CG	0.47	2.40	13	1
1:A:60:ILE:HD12	1:A:82:ILE:HD11	0.47	1.85	17	1
1:A:114:LEU:CD1	1:A:115:VAL:N	0.47	2.72	6	1
1:A:72:LEU:HD13	1:A:75:LEU:HD21	0.47	1.86	11	1
1:A:81:LEU:HD23	1:A:104:GLN:CD	0.47	2.29	1	1
1:A:166:ARG:O	1:A:170:VAL:HG23	0.47	2.10	14	1
1:A:77:LEU:HD22	1:A:80:ASN:HD22	0.47	1.69	1	1
1:A:156:TYR:CG	1:A:161:ALA:CB	0.47	2.98	12	4
1:A:72:LEU:HB2	1:A:95:LEU:HD23	0.47	1.87	4	1
1:A:95:LEU:HD22	1:A:98:LEU:HG	0.47	1.86	17	2
1:A:142:LEU:HB3	1:A:176:LEU:HD21	0.47	1.86	8	1
1:A:35:PRO:HG2	1:A:36:PRO:HD3	0.47	1.87	9	4
1:A:21:VAL:O	1:A:21:VAL:HG22	0.47	2.10	9	2
1:A:108:LEU:HD23	1:A:108:LEU:C	0.47	2.30	16	1
1:A:111:ILE:HG21	1:A:133:ILE:HD11	0.46	1.85	1	1
1:A:33:MET:HG3	1:A:55:LEU:HD13	0.46	1.87	8	1
1:A:72:LEU:O	1:A:95:LEU:HD22	0.46	2.09	12	1
1:A:54:ALA:C	1:A:55:LEU:HD12	0.46	2.30	3	4
1:A:169:VAL:HG21	1:A:179:LEU:HD22	0.46	1.87	9	1
1:A:166:ARG:NH1	1:A:184:VAL:HG13	0.46	2.24	4	1
1:A:142:LEU:HB3	1:A:145:LEU:HD11	0.46	1.87	14	1
1:A:173:LEU:HD13	1:A:176:LEU:HD11	0.46	1.88	7	1
1:A:114:LEU:C	1:A:114:LEU:HD12	0.46	2.30	11	3
1:A:69:MET:HA	1:A:72:LEU:HD13	0.46	1.86	10	1
1:A:60:ILE:HD12	1:A:81:LEU:O	0.46	2.09	1	1
1:A:95:LEU:CG	1:A:98:LEU:HD11	0.46	2.41	13	1
1:A:33:MET:HE2	1:A:55:LEU:HD22	0.46	1.85	12	1
1:A:142:LEU:HD23	1:A:145:LEU:HD13	0.46	1.86	11	1
1:A:120:LEU:HD23	1:A:120:LEU:C	0.46	2.31	7	1
1:A:142:LEU:O	1:A:176:LEU:CA	0.46	2.63	4	1
1:A:77:LEU:HD22	1:A:100:ILE:HG22	0.46	1.88	9	2
1:A:52:HIS:CD2	1:A:74:ILE:HG21	0.46	2.45	2	2
1:A:167:ILE:HG22	1:A:171:LYS:CE	0.46	2.39	15	1
1:A:153:TYR:CD1	1:A:154:ASN:N	0.46	2.84	15	1
1:A:47:LEU:C	1:A:47:LEU:HD23	0.46	2.31	4	2
1:A:98:LEU:HD12	1:A:117:LEU:CD2	0.46	2.41	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:120:LEU:HD12	1:A:122:MET:CG	0.46	2.40	3	1
1:A:59:ASN:CG	1:A:81:LEU:HD12	0.46	2.30	3	1
1:A:173:LEU:CD1	1:A:176:LEU:HD13	0.46	2.40	5	1
1:A:82:ILE:HG23	1:A:82:ILE:O	0.46	2.11	2	1
1:A:173:LEU:N	1:A:173:LEU:CD2	0.46	2.79	13	1
1:A:82:ILE:HB	1:A:105:ILE:HG22	0.46	1.86	6	1
1:A:58:ASN:OD1	1:A:77:LEU:HD11	0.46	2.10	3	1
1:A:88:LEU:HD23	1:A:114:LEU:CD2	0.46	2.41	10	1
1:A:95:LEU:HD22	1:A:98:LEU:CG	0.46	2.40	10	1
1:A:43:THR:HG22	1:A:68:GLY:C	0.46	2.31	2	4
1:A:108:LEU:HD12	1:A:108:LEU:N	0.46	2.26	10	1
1:A:139:LEU:HD21	1:A:165:TYR:HE1	0.46	1.70	7	2
1:A:88:LEU:HD22	1:A:114:LEU:CD2	0.46	2.41	5	1
1:A:171:LYS:HZ1	1:A:195:ALA:HB1	0.46	1.70	15	2
1:A:119:VAL:O	1:A:119:VAL:HG13	0.46	2.10	16	1
1:A:95:LEU:CB	1:A:117:LEU:HD21	0.46	2.39	6	1
1:A:145:LEU:N	1:A:145:LEU:CD2	0.46	2.76	14	3
1:A:108:LEU:HD12	1:A:132:GLU:HB3	0.46	1.88	7	1
1:A:52:HIS:CE1	1:A:74:ILE:HG22	0.46	2.46	10	1
1:A:69:MET:CB	1:A:91:VAL:HG12	0.46	2.41	5	1
1:A:95:LEU:HD13	1:A:98:LEU:HD11	0.46	1.88	5	1
1:A:9:ASP:O	1:A:13:ILE:HD12	0.46	2.11	15	3
1:A:142:LEU:HD21	1:A:179:LEU:HD13	0.46	1.86	4	1
1:A:28:VAL:HG12	1:A:30:LEU:CG	0.46	2.40	5	4
1:A:81:LEU:HD23	1:A:104:GLN:NE2	0.46	2.26	1	1
1:A:108:LEU:HD12	1:A:109:SER:N	0.46	2.26	6	3
1:A:145:LEU:HD23	1:A:146:LEU:H	0.46	1.67	13	1
1:A:92:ALA:HB1	1:A:113:LYS:C	0.46	2.32	3	1
1:A:4:ALA:HB1	1:A:37:ILE:CG1	0.45	2.41	15	1
1:A:33:MET:CE	1:A:55:LEU:HD22	0.45	2.41	12	1
1:A:153:TYR:CE1	1:A:162:THR:CG2	0.45	3.00	12	1
1:A:95:LEU:HD21	1:A:97:GLU:C	0.45	2.32	11	2
1:A:52:HIS:CD2	1:A:74:ILE:CG2	0.45	3.00	5	5
1:A:21:VAL:HG12	1:A:21:VAL:O	0.45	2.12	15	1
1:A:2:ALA:CB	1:A:14:PHE:CZ	0.45	2.99	9	2
1:A:55:LEU:N	1:A:55:LEU:CD2	0.45	2.80	13	1
1:A:28:VAL:HB	1:A:53:LEU:HD23	0.45	1.88	11	1
1:A:2:ALA:HB3	1:A:33:MET:HA	0.45	1.88	14	1
1:A:52:HIS:CE1	1:A:74:ILE:CG2	0.45	3.00	12	6
1:A:104:GLN:C	1:A:105:ILE:HD12	0.45	2.32	9	1
1:A:173:LEU:HD13	1:A:174:PRO:CD	0.45	2.38	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:117:LEU:HD11	1:A:120:LEU:HD23	0.45	1.89	3	1
1:A:53:LEU:HD12	1:A:72:LEU:HD21	0.45	1.89	11	1
1:A:47:LEU:HD11	1:A:71:ASN:CG	0.45	2.32	11	1
1:A:99:TRP:CD1	1:A:99:TRP:N	0.45	2.84	7	2
1:A:135:LYS:CA	1:A:139:LEU:HD22	0.45	2.42	17	1
1:A:63:ILE:HG21	1:A:87:ASN:CB	0.45	2.42	11	1
1:A:167:ILE:HD12	1:A:191:GLN:HB3	0.45	1.87	1	1
1:A:181:GLY:C	1:A:184:VAL:HG23	0.45	2.32	2	3
1:A:21:VAL:HG13	1:A:21:VAL:O	0.45	2.11	7	1
1:A:170:VAL:O	1:A:173:LEU:HD13	0.45	2.12	13	1
1:A:31:HIS:CE1	1:A:56:SER:CB	0.45	3.00	7	2
1:A:2:ALA:CB	1:A:14:PHE:CE1	0.45	3.00	13	2
1:A:142:LEU:CB	1:A:176:LEU:HD12	0.45	2.40	13	1
1:A:14:PHE:CD1	1:A:30:LEU:CD2	0.45	3.00	3	1
1:A:156:TYR:CD2	1:A:161:ALA:CB	0.45	3.00	8	1
1:A:7:ILE:HG23	1:A:8:LYS:N	0.44	2.28	10	12
1:A:2:ALA:CB	1:A:14:PHE:CD2	0.44	3.00	10	1
1:A:54:ALA:C	1:A:55:LEU:HD22	0.44	2.32	5	1
1:A:144:ASP:C	1:A:145:LEU:HD23	0.44	2.33	4	3
1:A:117:LEU:HD23	1:A:117:LEU:C	0.44	2.31	3	1
1:A:139:LEU:HD21	1:A:165:TYR:OH	0.44	2.12	11	1
1:A:44:LEU:HD21	1:A:65:SER:HA	0.44	1.89	10	1
1:A:120:LEU:CD2	1:A:120:LEU:N	0.44	2.80	15	1
1:A:115:VAL:HG21	1:A:137:ALA:CA	0.44	2.42	9	1
1:A:142:LEU:HD23	1:A:142:LEU:C	0.44	2.33	12	1
1:A:105:ILE:HD12	1:A:105:ILE:N	0.44	2.26	9	1
1:A:94:THR:HG23	1:A:95:LEU:N	0.44	2.27	15	1
1:A:139:LEU:CD2	1:A:165:TYR:CE1	0.44	3.00	16	1
1:A:130:TRP:CD1	1:A:152:LEU:HD13	0.44	2.47	2	1
1:A:121:TYR:CD1	1:A:121:TYR:N	0.44	2.85	3	1
1:A:142:LEU:O	1:A:176:LEU:CB	0.44	2.66	1	5
1:A:44:LEU:HD13	1:A:65:SER:OG	0.44	2.13	7	1
1:A:133:ILE:HG21	1:A:152:LEU:HD11	0.44	1.90	10	1
1:A:10:ALA:O	1:A:14:PHE:CG	0.44	2.70	5	1
1:A:73:ARG:HB3	1:A:74:ILE:HD12	0.44	1.89	2	1
1:A:82:ILE:HG21	1:A:88:LEU:CD1	0.44	2.26	11	1
1:A:105:ILE:CD1	1:A:105:ILE:N	0.44	2.80	11	2
1:A:6:THR:HG23	1:A:9:ASP:H	0.44	1.73	13	1
1:A:69:MET:HG2	1:A:72:LEU:HD11	0.44	1.90	3	1
1:A:142:LEU:O	1:A:176:LEU:HD23	0.44	2.13	11	1
1:A:120:LEU:HD11	1:A:122:MET:HE3	0.44	1.90	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:75:LEU:CD1	1:A:98:LEU:HD21	0.44	2.43	15	1
1:A:139:LEU:HD23	1:A:140:ASP:OD1	0.44	2.13	17	1
1:A:75:LEU:HD13	1:A:98:LEU:HD21	0.43	1.89	15	2
1:A:99:TRP:N	1:A:99:TRP:CD1	0.43	2.84	4	1
1:A:115:VAL:HG21	1:A:137:ALA:HA	0.43	1.90	9	1
1:A:137:ALA:O	1:A:142:LEU:HD12	0.43	2.14	9	1
1:A:3:LYS:HE3	1:A:13:ILE:HD13	0.43	1.90	1	1
1:A:142:LEU:HD22	1:A:145:LEU:HD22	0.43	1.89	15	1
1:A:91:VAL:HG22	1:A:95:LEU:HD12	0.43	1.88	2	1
1:A:171:LYS:HZ3	1:A:195:ALA:HB3	0.43	1.71	4	1
1:A:63:ILE:HG21	1:A:87:ASN:HB3	0.43	1.89	11	1
1:A:99:TRP:CD1	1:A:121:TYR:CD2	0.43	3.07	10	1
1:A:91:VAL:HA	1:A:95:LEU:HD23	0.43	1.91	16	1
1:A:14:PHE:CZ	1:A:33:MET:CE	0.43	3.01	4	1
1:A:95:LEU:HD21	1:A:97:GLU:O	0.43	2.13	17	1
1:A:70:GLU:HG2	1:A:94:THR:HG22	0.43	1.90	17	1
1:A:66:LEU:N	1:A:66:LEU:CD1	0.43	2.82	12	1
1:A:37:ILE:HG12	1:A:63:ILE:HG22	0.43	1.91	10	1
1:A:43:THR:HG21	1:A:69:MET:HG2	0.43	1.90	2	2
1:A:81:LEU:HD12	1:A:81:LEU:N	0.43	2.27	5	2
1:A:44:LEU:HD11	1:A:65:SER:CB	0.43	2.43	12	1
1:A:120:LEU:N	1:A:120:LEU:CD2	0.43	2.81	14	1
1:A:138:ALA:O	1:A:142:LEU:HD12	0.43	2.13	10	1
1:A:7:ILE:HA	1:A:42:ALA:HB2	0.43	1.90	6	2
1:A:185:ASP:O	1:A:186:VAL:CG1	0.43	2.67	8	10
1:A:105:ILE:CG2	1:A:111:ILE:HG23	0.43	2.43	3	1
1:A:10:ALA:O	1:A:14:PHE:CD2	0.43	2.72	4	7
1:A:185:ASP:O	1:A:186:VAL:CG2	0.43	2.67	9	6
1:A:115:VAL:HG13	1:A:145:LEU:HD11	0.43	1.89	10	1
1:A:108:LEU:N	1:A:108:LEU:HD12	0.43	2.28	3	1
1:A:115:VAL:HG13	1:A:145:LEU:HD12	0.43	1.89	10	1
1:A:63:ILE:HD13	1:A:87:ASN:HB2	0.43	1.90	15	1
1:A:47:LEU:HD23	1:A:71:ASN:CB	0.43	2.44	16	1
1:A:140:ASP:C	1:A:173:LEU:HD11	0.43	2.33	2	1
1:A:121:TYR:CD2	1:A:146:LEU:HD23	0.43	2.49	14	1
1:A:142:LEU:HD22	1:A:142:LEU:C	0.43	2.34	1	1
1:A:173:LEU:CG	1:A:173:LEU:O	0.43	2.67	13	1
1:A:43:THR:HG23	1:A:44:LEU:N	0.43	2.29	15	1
1:A:129:ASN:HB3	1:A:133:ILE:HD12	0.43	1.90	2	2
1:A:35:PRO:HA	1:A:59:ASN:O	0.43	2.14	13	1
1:A:59:ASN:HD22	1:A:81:LEU:HD12	0.42	1.69	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:81:LEU:HD23	1:A:104:GLN:OE1	0.42	2.14	13	1
1:A:120:LEU:O	1:A:145:LEU:HD12	0.42	2.14	12	1
1:A:59:ASN:ND2	1:A:81:LEU:HD22	0.42	2.29	5	1
1:A:34:ILE:C	1:A:34:ILE:HD12	0.42	2.34	6	1
1:A:81:LEU:N	1:A:81:LEU:HD12	0.42	2.29	14	1
1:A:95:LEU:HD12	1:A:98:LEU:HD23	0.42	1.90	7	1
1:A:119:VAL:O	1:A:120:LEU:HD13	0.42	2.14	15	1
1:A:73:ARG:C	1:A:95:LEU:HD13	0.42	2.34	13	1
1:A:30:LEU:N	1:A:30:LEU:CD2	0.42	2.82	13	2
1:A:52:HIS:CD2	1:A:74:ILE:HG22	0.42	2.50	4	2
1:A:138:ALA:HB3	1:A:142:LEU:CD1	0.42	2.44	3	1
1:A:178:LYS:NZ	1:A:184:VAL:HG21	0.42	2.28	3	1
1:A:63:ILE:C	1:A:63:ILE:HD12	0.42	2.35	7	1
1:A:167:ILE:HD11	1:A:191:GLN:CD	0.42	2.35	8	1
1:A:175:ASN:O	1:A:176:LEU:C	0.42	2.57	8	3
1:A:130:TRP:N	1:A:152:LEU:CD2	0.42	2.81	2	1
1:A:72:LEU:C	1:A:95:LEU:HD22	0.42	2.35	4	1
1:A:77:LEU:HD21	1:A:80:ASN:HD22	0.42	1.73	6	1
1:A:77:LEU:HD12	1:A:77:LEU:C	0.42	2.35	11	1
1:A:140:ASP:C	1:A:176:LEU:HD23	0.42	2.35	14	1
1:A:167:ILE:HD11	1:A:191:GLN:CB	0.42	2.45	13	1
1:A:110:GLY:O	1:A:114:LEU:HD23	0.42	2.14	8	1
1:A:59:ASN:HD21	1:A:81:LEU:HD22	0.42	1.75	1	1
1:A:117:LEU:HB3	1:A:120:LEU:HD11	0.42	1.91	1	2
1:A:119:VAL:HG23	1:A:144:ASP:CG	0.42	2.34	1	1
1:A:153:TYR:OH	1:A:165:TYR:CD2	0.42	2.72	17	1
1:A:81:LEU:N	1:A:81:LEU:CD2	0.42	2.81	12	1
1:A:182:MET:N	1:A:183:PRO:HD2	0.42	2.29	9	4
1:A:31:HIS:CD2	1:A:56:SER:HG	0.42	2.32	7	1
1:A:153:TYR:CZ	1:A:165:TYR:CD2	0.42	3.08	10	2
1:A:173:LEU:CD1	1:A:173:LEU:N	0.42	2.83	10	1
1:A:138:ALA:HB3	1:A:142:LEU:HG	0.42	1.91	17	1
1:A:142:LEU:HD12	1:A:145:LEU:HD11	0.42	1.92	14	1
1:A:30:LEU:HD13	1:A:30:LEU:N	0.42	2.30	9	1
1:A:132:GLU:O	1:A:136:LEU:CB	0.42	2.68	3	3
1:A:140:ASP:CB	1:A:173:LEU:HD22	0.42	2.44	9	1
1:A:140:ASP:C	1:A:173:LEU:HD21	0.42	2.35	5	1
1:A:85:ILE:HD12	1:A:85:ILE:N	0.42	2.30	6	1
1:A:127:ILE:CG2	1:A:133:ILE:CD1	0.41	2.98	5	4
1:A:102:TYR:CD1	1:A:124:ASN:O	0.41	2.73	12	6
1:A:117:LEU:HD23	1:A:118:ARG:N	0.41	2.30	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:88:LEU:HD12	1:A:114:LEU:CB	0.41	2.43	7	1
1:A:120:LEU:HD21	1:A:122:MET:HE3	0.41	1.92	10	1
1:A:20:VAL:CG2	1:A:30:LEU:HD12	0.41	2.39	13	2
1:A:130:TRP:CH2	1:A:134:ASP:OD2	0.41	2.74	16	3
1:A:7:ILE:HD13	1:A:45:SER:HB2	0.41	1.91	5	1
1:A:121:TYR:CE2	1:A:146:LEU:HD22	0.41	2.49	6	1
1:A:77:LEU:HD13	1:A:80:ASN:HB3	0.41	1.92	11	1
1:A:127:ILE:HG23	1:A:133:ILE:HD13	0.41	1.89	11	1
1:A:53:LEU:HD12	1:A:72:LEU:HD11	0.41	1.92	7	1
1:A:30:LEU:N	1:A:30:LEU:CD1	0.41	2.83	15	1
1:A:82:ILE:HD13	1:A:88:LEU:HD11	0.41	1.92	16	1
1:A:3:LYS:HA	1:A:34:ILE:HG21	0.41	1.90	2	1
1:A:173:LEU:HG	1:A:173:LEU:O	0.41	2.16	13	1
1:A:184:VAL:HG13	1:A:188:GLU:CG	0.41	2.46	15	1
1:A:74:ILE:CG2	1:A:99:TRP:CH2	0.41	3.04	17	1
1:A:127:ILE:HG21	1:A:133:ILE:HD13	0.41	1.91	14	1
1:A:88:LEU:HD12	1:A:88:LEU:N	0.41	2.30	16	1
1:A:3:LYS:N	1:A:13:ILE:HG21	0.41	2.31	13	1
1:A:111:ILE:HD13	1:A:127:ILE:HD13	0.41	1.92	8	1
1:A:47:LEU:CD2	1:A:71:ASN:CB	0.41	2.99	8	1
1:A:176:LEU:H	1:A:176:LEU:HD23	0.41	1.76	7	1
1:A:3:LYS:HA	1:A:34:ILE:HD12	0.41	1.92	9	1
1:A:69:MET:CB	1:A:91:VAL:CG1	0.41	2.99	5	1
1:A:133:ILE:HG23	1:A:137:ALA:HB2	0.41	1.91	4	1
1:A:133:ILE:HG21	1:A:152:LEU:HG	0.41	1.92	7	1
1:A:44:LEU:HD23	1:A:65:SER:OG	0.41	2.14	16	1
1:A:40:MET:O	1:A:41:ASP:C	0.41	2.59	13	1
1:A:2:ALA:HB3	1:A:14:PHE:CZ	0.41	2.51	3	1
1:A:30:LEU:CD1	1:A:30:LEU:N	0.41	2.84	14	1
1:A:99:TRP:CD1	1:A:121:TYR:CE2	0.41	3.09	10	1
1:A:130:TRP:CZ2	1:A:134:ASP:OD1	0.41	2.73	16	4
1:A:21:VAL:O	1:A:21:VAL:HG12	0.41	2.15	6	2
1:A:77:LEU:CD2	1:A:80:ASN:ND2	0.41	2.84	13	2
1:A:2:ALA:CB	1:A:14:PHE:CD1	0.41	3.04	3	1
1:A:44:LEU:CD1	1:A:65:SER:CB	0.41	2.98	12	1
1:A:129:ASN:CB	1:A:133:ILE:CD1	0.41	2.99	10	3
1:A:70:GLU:O	1:A:94:THR:CG2	0.41	2.69	9	2
1:A:128:THR:HG22	1:A:151:PRO:HG3	0.41	1.83	1	2
1:A:4:ALA:HB1	1:A:37:ILE:CD1	0.41	2.44	1	1
1:A:7:ILE:CG2	1:A:8:LYS:N	0.41	2.84	15	1
1:A:88:LEU:HA	1:A:91:VAL:HG12	0.41	1.92	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:4:ALA:N	1:A:34:ILE:HG21	0.41	2.30	13	1
1:A:6:THR:O	1:A:10:ALA:CB	0.41	2.69	12	1
1:A:169:VAL:CG2	1:A:179:LEU:CD2	0.41	2.99	7	2
1:A:108:LEU:CD2	1:A:108:LEU:N	0.41	2.84	7	1
1:A:47:LEU:HD12	1:A:68:GLY:HA2	0.41	1.93	1	1
1:A:24:GLU:HG2	1:A:49:ALA:HB3	0.41	1.93	1	1
1:A:77:LEU:CD2	1:A:100:ILE:HG22	0.41	2.38	15	1
1:A:153:TYR:CZ	1:A:158:GLU:O	0.41	2.74	15	1
1:A:47:LEU:HD23	1:A:47:LEU:C	0.41	2.35	2	1
1:A:43:THR:CG2	1:A:44:LEU:N	0.41	2.84	6	1
1:A:98:LEU:HB3	1:A:120:LEU:HD22	0.41	1.92	3	1
1:A:156:TYR:CD2	1:A:161:ALA:HB1	0.41	2.51	8	1
1:A:166:ARG:NH1	1:A:167:ILE:CG1	0.40	2.84	9	1
1:A:22:ALA:O	1:A:25:ALA:HB2	0.40	2.16	1	1
1:A:153:TYR:CE2	1:A:158:GLU:O	0.40	2.74	15	1
1:A:145:LEU:HD21	1:A:176:LEU:CD2	0.40	2.40	16	1
1:A:47:LEU:CD1	1:A:48:LYS:N	0.40	2.84	13	1
1:A:114:LEU:O	1:A:120:LEU:HD21	0.40	2.16	17	1
1:A:76:SER:OG	1:A:99:TRP:CZ3	0.40	2.75	8	1
1:A:47:LEU:CD1	1:A:71:ASN:CB	0.40	2.99	14	1
1:A:154:ASN:ND2	1:A:158:GLU:CG	0.40	2.84	10	1
1:A:120:LEU:CD2	1:A:122:MET:CG	0.40	3.00	9	1
1:A:55:LEU:HD12	1:A:55:LEU:N	0.40	2.31	12	2
1:A:167:ILE:CG2	1:A:195:ALA:CB	0.40	2.99	15	1
1:A:166:ARG:HH12	1:A:169:VAL:HG11	0.40	1.75	15	1
1:A:100:ILE:HD11	1:A:122:MET:CG	0.40	2.46	16	1
1:A:184:VAL:HG13	1:A:188:GLU:HB2	0.40	1.93	2	1
1:A:142:LEU:HD22	1:A:145:LEU:HD11	0.40	1.93	4	1
1:A:31:HIS:CG	1:A:56:SER:OG	0.40	2.74	17	1
1:A:111:ILE:CD1	1:A:133:ILE:CD1	0.40	2.99	3	1
1:A:146:LEU:HD12	1:A:180:ASP:O	0.40	2.16	3	1
1:A:37:ILE:CD1	1:A:63:ILE:HG22	0.40	2.46	10	1
1:A:184:VAL:HG23	1:A:185:ASP:N	0.40	2.32	5	1
1:A:145:LEU:CD2	1:A:145:LEU:N	0.40	2.81	15	1
1:A:4:ALA:CB	1:A:37:ILE:CD1	0.40	2.99	4	4
1:A:117:LEU:CD1	1:A:120:LEU:HD23	0.40	2.46	3	1
1:A:129:ASN:C	1:A:152:LEU:HD21	0.40	2.37	3	1
1:A:142:LEU:HD22	1:A:145:LEU:HB2	0.40	1.92	12	1
1:A:59:ASN:ND2	1:A:81:LEU:CD1	0.40	2.85	11	1
1:A:18:LYS:CE	1:A:20:VAL:CG1	0.40	2.99	5	1
1:A:69:MET:HB3	1:A:91:VAL:HG12	0.40	1.93	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:111:ILE:HD13	1:A:137:ALA:CB	0.40	2.46	4	1
1:A:166:ARG:CZ	1:A:188:GLU:CB	0.40	3.00	17	1
1:A:157:LYS:O	1:A:158:GLU:C	0.40	2.60	6	2
1:A:96:GLU:C	1:A:117:LEU:HD21	0.40	2.37	12	1
1:A:63:ILE:CD1	1:A:87:ASN:CB	0.40	2.98	10	1
1:A:111:ILE:HG13	1:A:133:ILE:HD12	0.40	1.92	1	1
1:A:173:LEU:O	1:A:173:LEU:CG	0.40	2.69	1	1
1:A:108:LEU:HD12	1:A:108:LEU:H	0.40	1.77	2	1
1:A:141:LYS:N	1:A:176:LEU:CD2	0.40	2.85	4	1
1:A:28:VAL:CG1	1:A:30:LEU:CD2	0.40	2.99	4	1
1:A:98:LEU:HB3	1:A:120:LEU:HD23	0.40	1.93	17	1
1:A:75:LEU:HB3	1:A:98:LEU:HD23	0.40	1.93	3	1
1:A:81:LEU:CD2	1:A:81:LEU:N	0.40	2.85	8	1

6.3 Torsion angles

6.3.1 Protein backbone

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	194/198 (98%)	144±4 (74±2%)	40±4 (20±2%)	10±2 (5±1%)	5	25
All	All	3298/3366 (98%)	2456 (74%)	672 (20%)	170 (5%)	5	25

All 26 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	174	PRO	17
1	A	117	LEU	17
1	A	157	LYS	17
1	A	142	LEU	14
1	A	141	LYS	13
1	A	51	LYS	13
1	A	149	GLY	13
1	A	173	LEU	9
1	A	143	GLU	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	87	ASN	7
1	A	158	GLU	6
1	A	176	LEU	6
1	A	184	VAL	5
1	A	175	ASN	5
1	A	96	GLU	3
1	A	95	LEU	2
1	A	186	VAL	2
1	A	86	GLU	2
1	A	70	GLU	2
1	A	181	GLY	2
1	A	63	ILE	2
1	A	42	ALA	1
1	A	41	ASP	1
1	A	22	ALA	1
1	A	64	SER	1
1	A	56	SER	1

6.3.2 Protein sidechains ⓘ

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	170/172 (99%)	137±3 (81±2%)	33±3 (19±2%)	5	37
All	All	2890/2924 (99%)	2333 (81%)	557 (19%)	5	37

All 119 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	18	LYS	17
1	A	19	SER	17
1	A	162	THR	16
1	A	6	THR	15
1	A	153	TYR	14
1	A	166	ARG	14
1	A	98	LEU	14
1	A	178	LYS	12

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	152	LEU	12
1	A	102	TYR	12
1	A	156	TYR	12
1	A	129	ASN	11
1	A	80	ASN	11
1	A	79	ARG	11
1	A	157	LYS	10
1	A	142	LEU	10
1	A	191	GLN	9
1	A	85	ILE	9
1	A	145	LEU	9
1	A	56	SER	8
1	A	120	LEU	8
1	A	176	LEU	8
1	A	33	MET	8
1	A	63	ILE	8
1	A	53	LEU	7
1	A	3	LYS	7
1	A	173	LEU	7
1	A	139	LEU	7
1	A	75	LEU	7
1	A	30	LEU	7
1	A	5	THR	7
1	A	117	LEU	6
1	A	177	LYS	6
1	A	182	MET	6
1	A	93	ASP	6
1	A	45	SER	6
1	A	76	SER	6
1	A	140	ASP	6
1	A	126	LYS	6
1	A	59	ASN	5
1	A	160	ASN	5
1	A	14	PHE	5
1	A	95	LEU	5
1	A	47	LEU	5
1	A	189	ARG	4
1	A	40	MET	4
1	A	9	ASP	4
1	A	89	ASP	4
1	A	130	TRP	4
1	A	48	LYS	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	114	LEU	4
1	A	51	LYS	4
1	A	165	TYR	4
1	A	44	LEU	4
1	A	17	ARG	3
1	A	143	GLU	3
1	A	34	ILE	3
1	A	65	SER	3
1	A	172	ARG	3
1	A	71	ASN	3
1	A	158	GLU	3
1	A	70	GLU	3
1	A	43	THR	3
1	A	128	THR	3
1	A	29	GLU	3
1	A	175	ASN	3
1	A	86	GLU	3
1	A	77	LEU	3
1	A	101	SER	3
1	A	84	LYS	3
1	A	64	SER	3
1	A	111	ILE	3
1	A	7	ILE	3
1	A	83	LYS	2
1	A	15	GLU	2
1	A	141	LYS	2
1	A	62	LYS	2
1	A	185	ASP	2
1	A	73	ARG	2
1	A	39	LYS	2
1	A	41	ASP	2
1	A	188	GLU	2
1	A	171	LYS	2
1	A	58	ASN	2
1	A	105	ILE	2
1	A	147	LEU	2
1	A	57	THR	2
1	A	108	LEU	2
1	A	66	LEU	2
1	A	179	LEU	2
1	A	38	GLU	1
1	A	112	GLU	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	155	ASP	1
1	A	82	ILE	1
1	A	190	GLU	1
1	A	118	ARG	1
1	A	144	ASP	1
1	A	180	ASP	1
1	A	115	VAL	1
1	A	55	LEU	1
1	A	135	LYS	1
1	A	24	GLU	1
1	A	124	ASN	1
1	A	37	ILE	1
1	A	168	GLU	1
1	A	193	ASN	1
1	A	122	MET	1
1	A	186	VAL	1
1	A	72	LEU	1
1	A	50	CYS	1
1	A	125	ASN	1
1	A	113	LYS	1
1	A	163	SER	1
1	A	136	LEU	1
1	A	97	GLU	1
1	A	16	GLU	1
1	A	107	SER	1
1	A	159	ASN	1
1	A	109	SER	1

6.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

6.4 Non-standard residues in protein, DNA, RNA chains ⓘ

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

6.5 Carbohydrates ⓘ

There are no carbohydrates in this entry.

6.6 Ligand geometry

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

The completeness of assignment taking into account all chemical shift lists is 75% for the well-defined parts and 75% for the entire structure.

7.1 Chemical shift list 1

File name: BMRB entry 4265

Chemical shift list name: *assigned_chem_shift_list_1*

7.1.1 Bookkeeping

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	2006
Number of shifts mapped to atoms	2006
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Number of shift outliers (ShiftChecker)	5

7.1.2 Chemical shift referencing

The following table shows the suggested chemical shift referencing corrections.

Nucleus	# values	Correction \pm precision, ppm	Suggested action
$^{13}\text{C}_\alpha$	197	-0.87 ± 0.10	Should be applied
$^{13}\text{C}_\beta$	188	-0.34 ± 0.15	None needed (< 0.5 ppm)
$^{13}\text{C}'$	191	-0.08 ± 0.09	None needed (< 0.5 ppm)
^{15}N	191	-0.07 ± 0.25	None needed (< 0.5 ppm)

7.1.3 Completeness of resonance assignments

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the well-defined regions of the structure. The overall completeness is 75%, i.e. 1806 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 2411. 0 out of 38 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	^1H	^{13}C	^{15}N
Backbone	948/960 (99%)	379/383 (99%)	381/388 (98%)	188/189 (99%)
Sidechain	852/1364 (62%)	518/790 (66%)	319/514 (62%)	15/60 (25%)

Continued on next page...

Continued from previous page...

	Total	¹ H	¹³ C	¹⁵ N
Aromatic	6/87 (7%)	4/45 (9%)	0/38 (0%)	2/4 (50%)
Overall	1806/2411 (75%)	901/1218 (74%)	700/940 (74%)	205/253 (81%)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the full structure. The overall completeness is 75%, i.e. 1840 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 2457. 0 out of 38 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	¹ H	¹³ C	¹⁵ N
Backbone	965/980 (98%)	386/391 (99%)	388/396 (98%)	191/193 (99%)
Sidechain	869/1390 (63%)	529/806 (66%)	324/521 (62%)	16/63 (25%)
Aromatic	6/87 (7%)	4/45 (9%)	0/38 (0%)	2/4 (50%)
Overall	1840/2457 (75%)	919/1242 (74%)	712/955 (75%)	209/260 (80%)

7.1.4 Statistically unusual chemical shifts ⓘ

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	24	GLU	CG	51.92	42.24 – 29.94	12.9
1	A	169	VAL	HG21	3.32	2.20 – -0.60	9.0
1	A	169	VAL	HG23	3.32	2.20 – -0.60	9.0
1	A	169	VAL	HG22	3.32	2.20 – -0.60	9.0
1	A	22	ALA	H	11.58	11.19 – 5.19	5.7

7.1.5 Random Coil Index (RCI) plots ⓘ

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:

