



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Apr 26, 2016 – 07:59 PM BST

PDB ID : 2E34  
Title : L11 structure with RDC and RG refinement  
Authors : Lee, D.; Walsh, J.D.; Yu, P.; Markus, M.A.; Choli-Papadopoulos, T.; Schwitters, C.D.; Krueger, S.; Draper, D.E.; Wang, Y.X.  
Deposited on : 2006-11-20

This is a Full wwPDB NMR Structure Validation Report for a publicly released PDB entry.  
We welcome your comments at [validation@mail.wwpdb.org](mailto:validation@mail.wwpdb.org)  
A user guide is available at  
<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

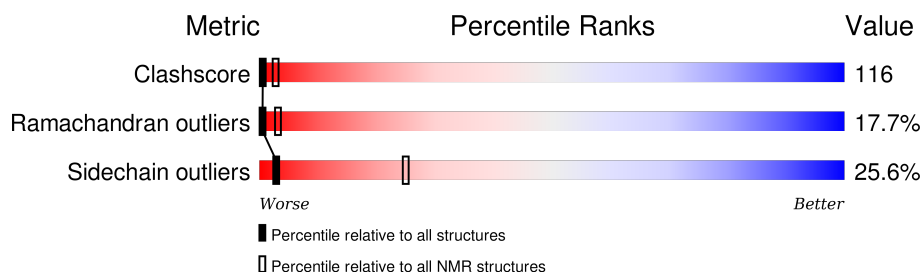
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

*SOLUTION NMR*

The overall completeness of chemical shifts assignment is 44%.

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  $\geq 3$ , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria. A cyan segment indicates the fraction of residues that are not part of the well-defined cores, and a grey segment represents the fraction of residues that are not modelled. The numeric value for each fraction is indicated below the corresponding segment, with a dot representing fractions  $\leq 5\%$

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	147	

## 2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. Model 1 is the overall representative, medoid model (most similar to other models).

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

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:4-A:84, A:96-A:139 (125)	0.35	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 5 clusters and 1 single-model cluster was found.

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

### 3 Entry composition [i](#)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2223 atoms, of which 1136 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called 50S ribosomal protein L11.

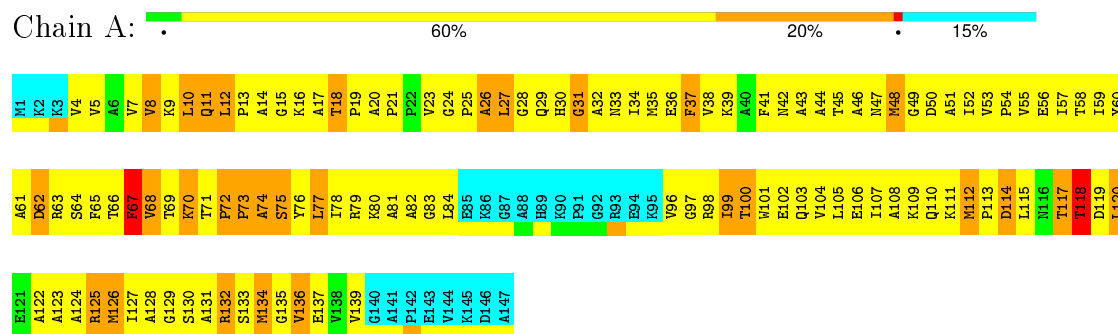
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	147	Total	C	H	N	O	S	0
			2223	692	1136	191	198	6	

## 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: 50S ribosomal protein L11

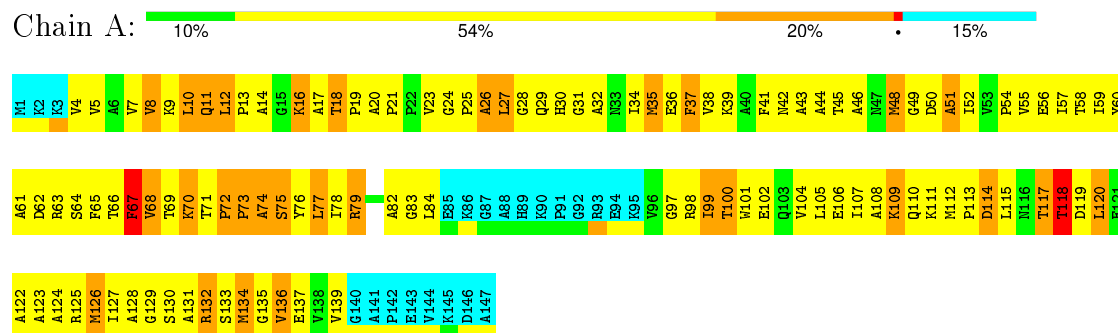


### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

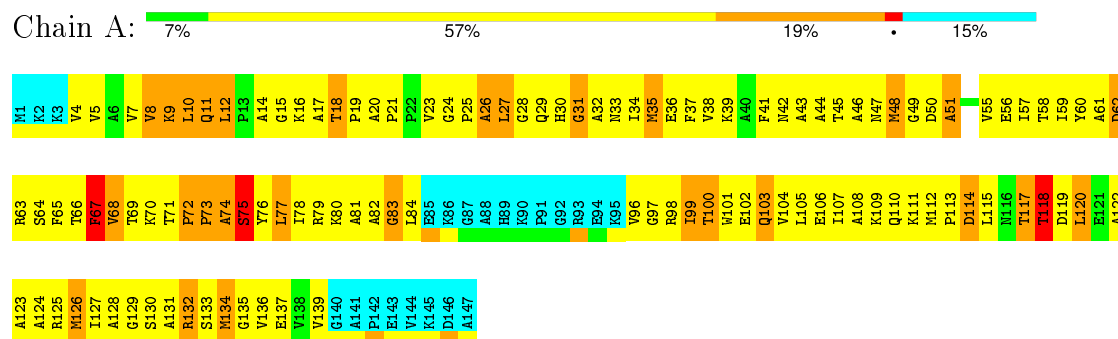
#### 4.2.1 Score per residue for model 1 (medoid)

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



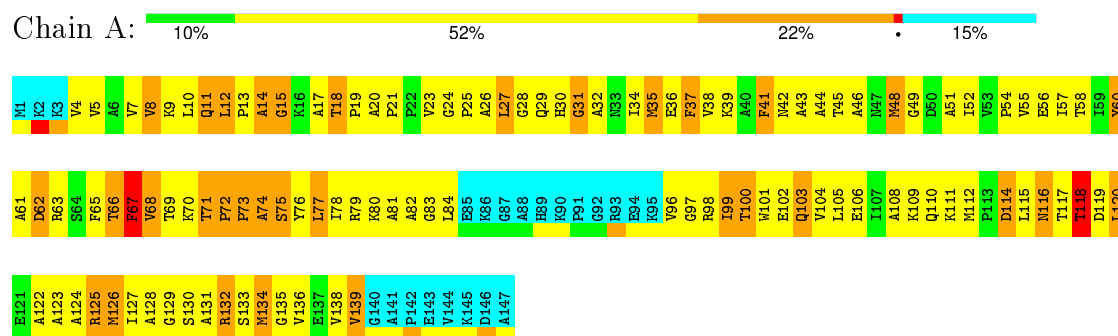
### 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



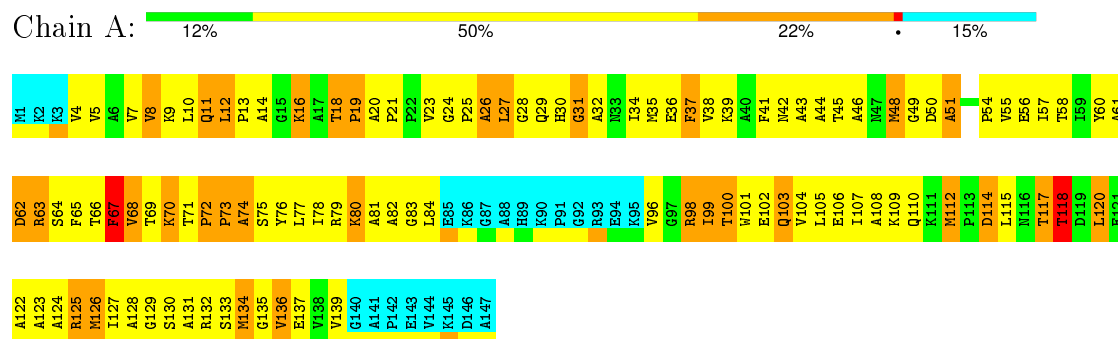
### 4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



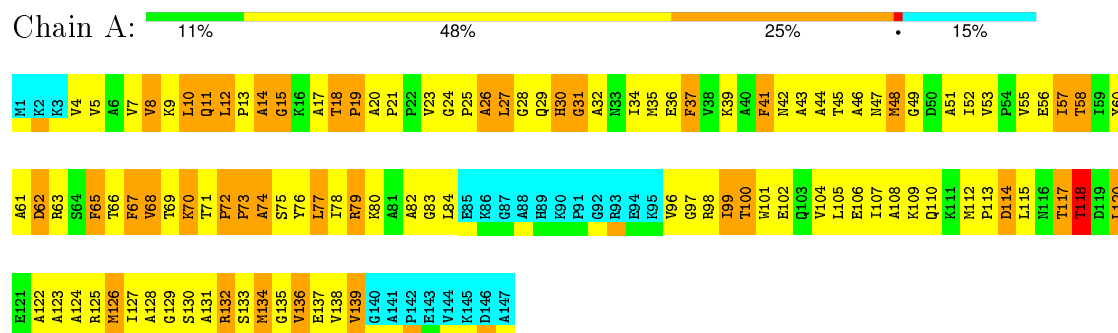
### 4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



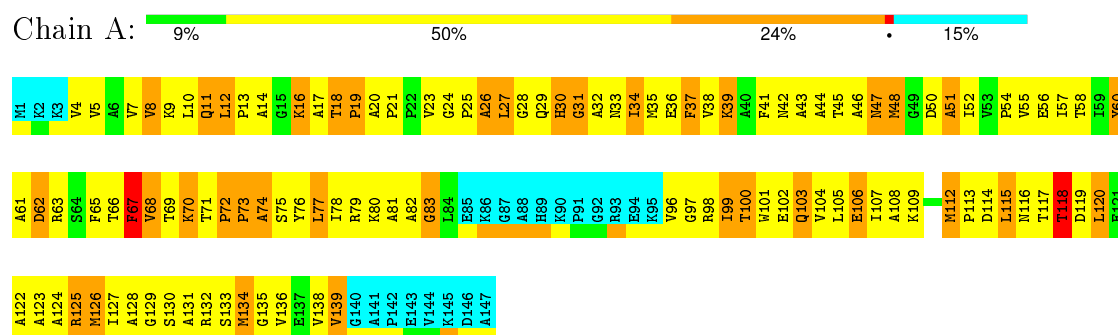
### 4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



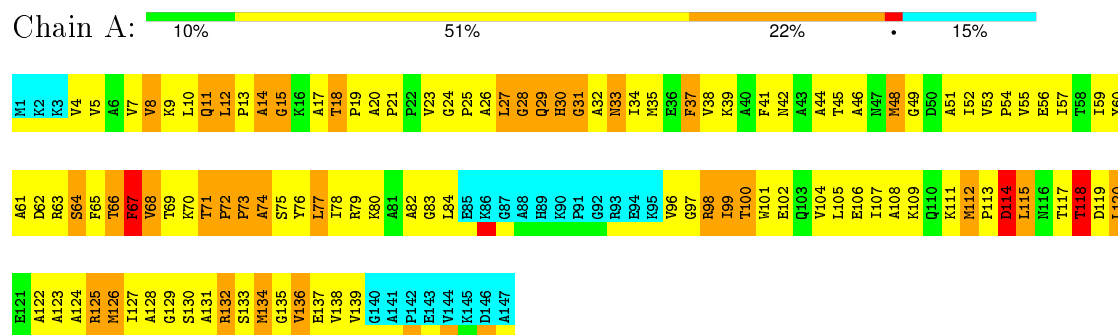
### 4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



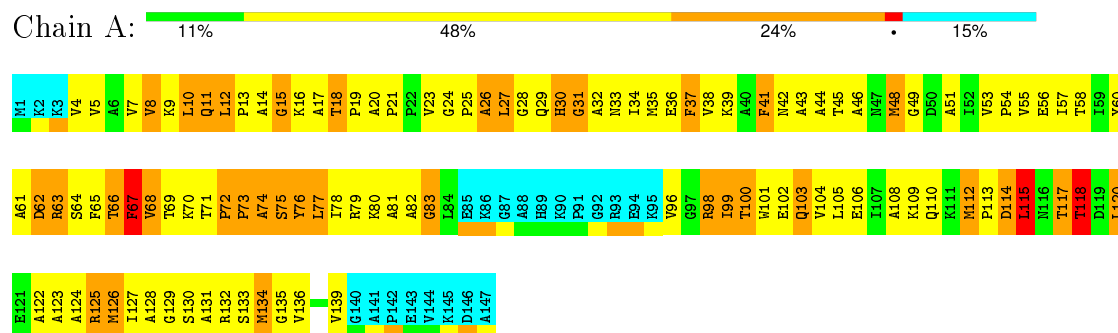
### 4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



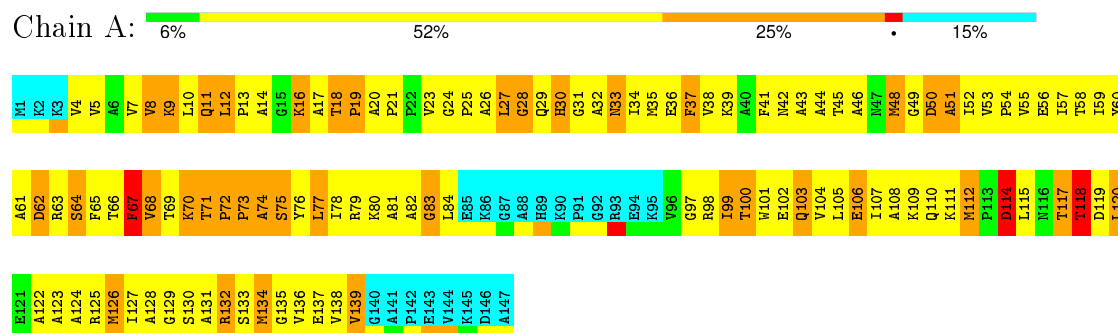
### 4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



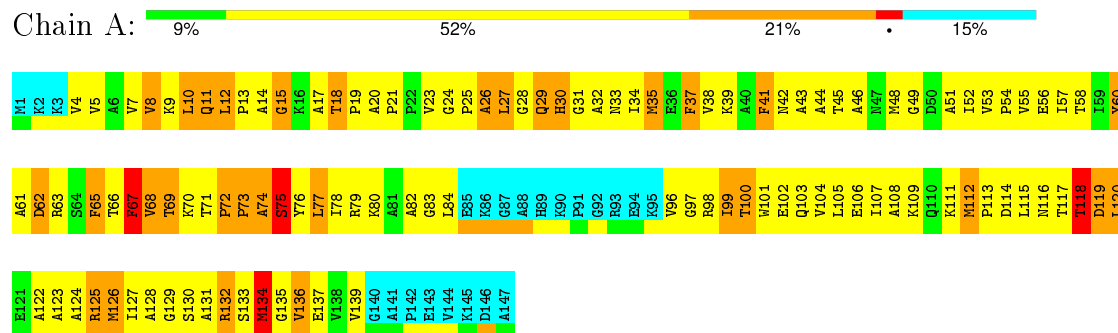
### 4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



### 4.2.10 Score per residue for model 10

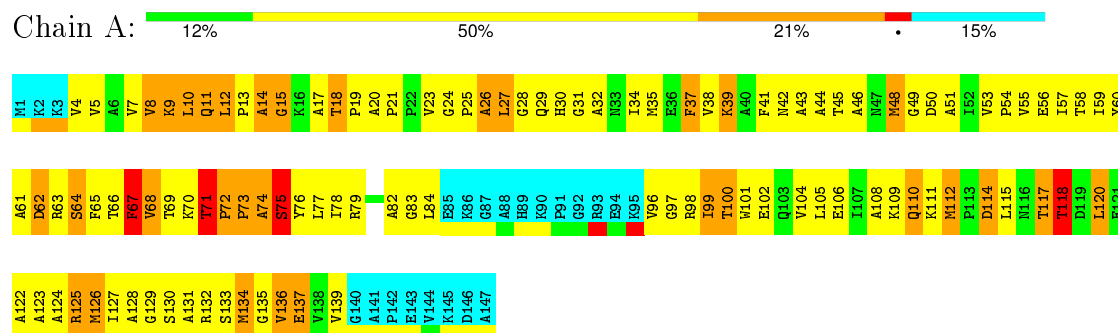
- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11





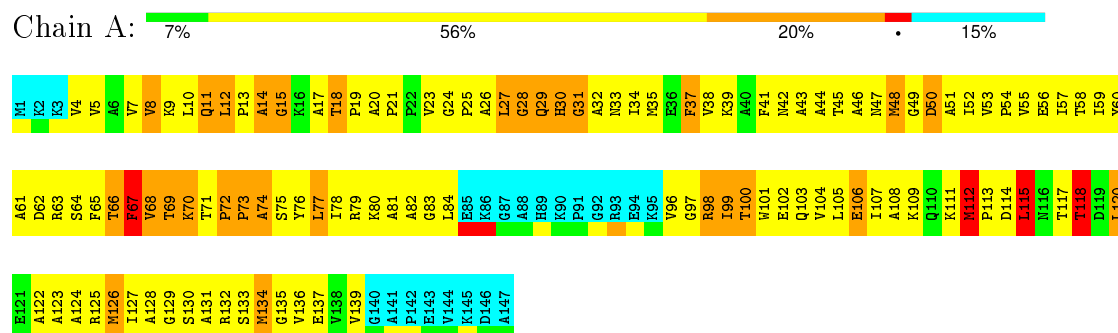
### 4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



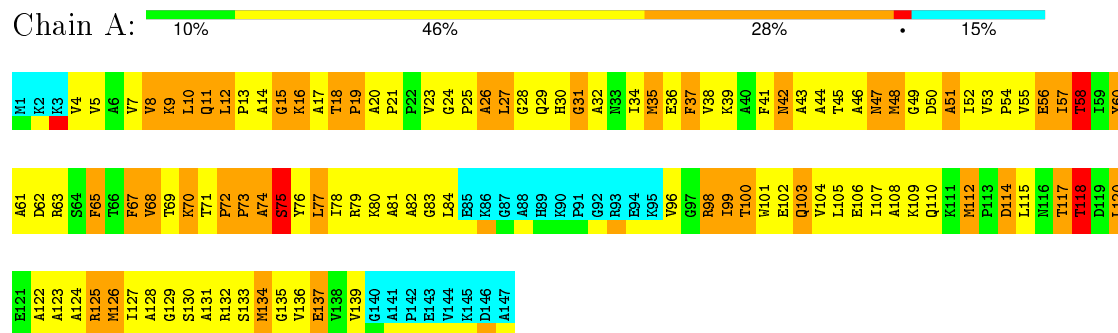
### 4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



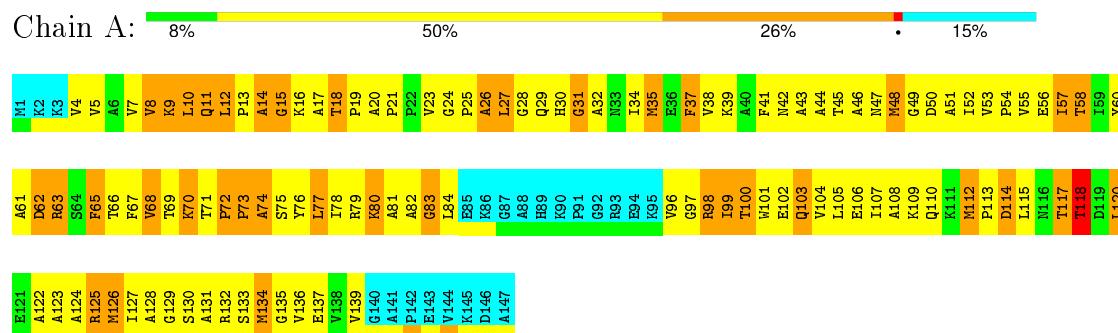
### 4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



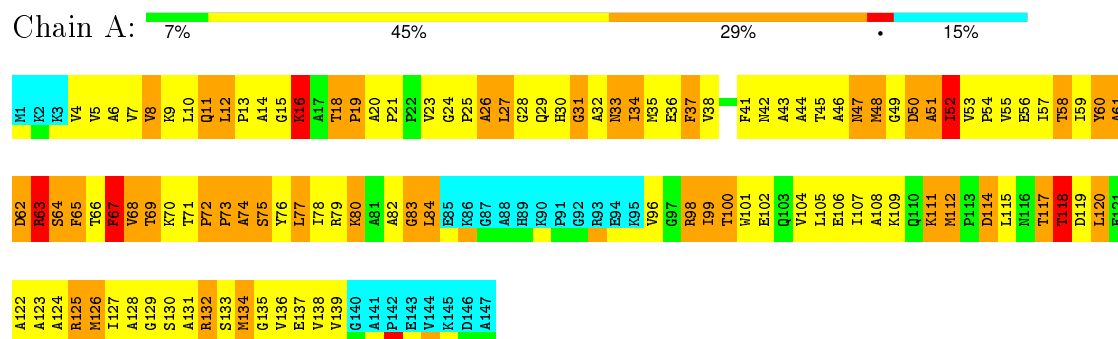
#### 4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



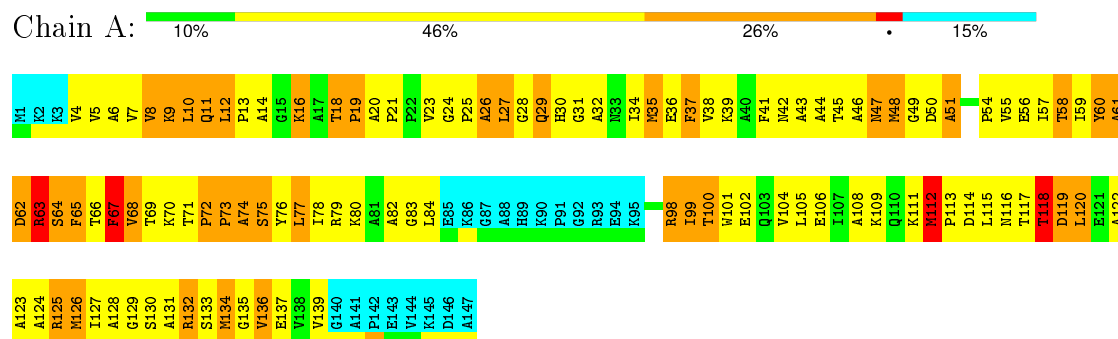
#### 4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



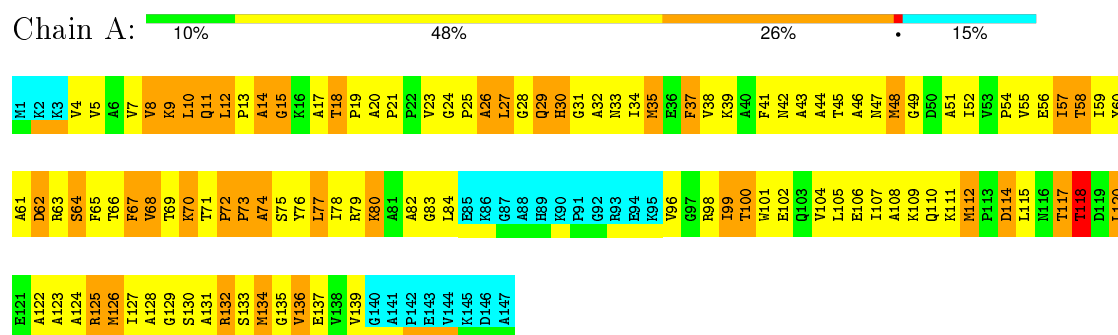
#### 4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



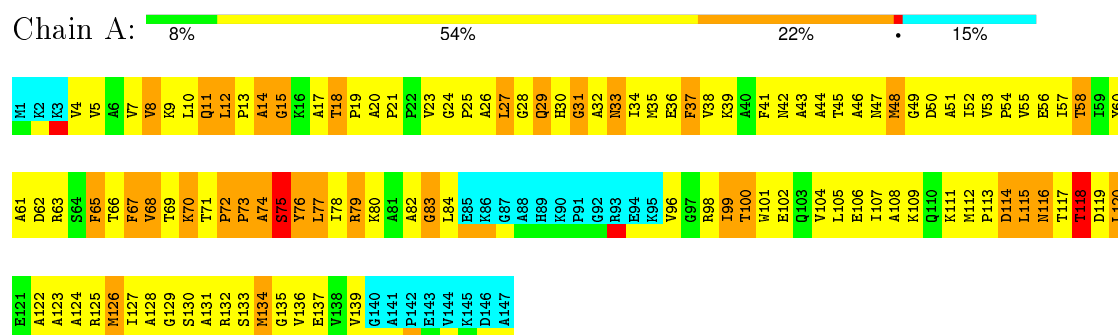
### 4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



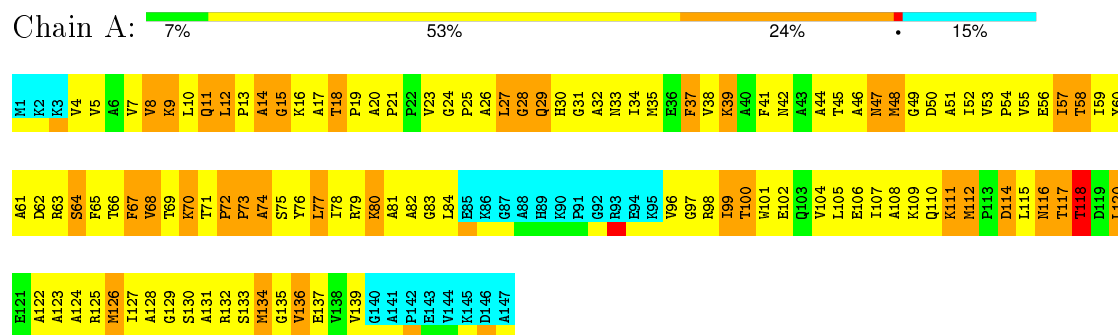
### 4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



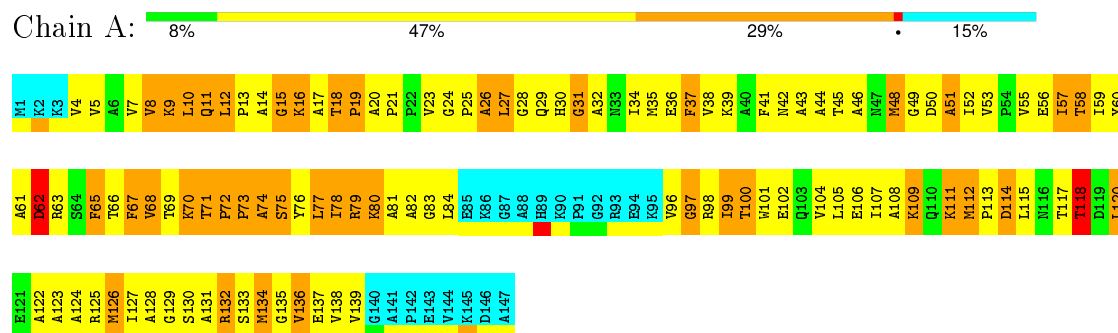
### 4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



## 4.2.20 Score per residue for model 20

- Molecule 1: 50S ribosomal protein L11



## 5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *TORSION ANGLE DYNAMICS*, *RG refinement*.

Of the 100 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *structures with the least restraint violations*.

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

Software name	Classification	Version
CYANA	structure solution	2.1.4
X-PLOR	refinement	

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

Chemical shift file(s)	BMRB entry 7314
Number of chemical shift lists	1
Total number of shifts	892
Number of shifts mapped to atoms	892
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Assignment completeness (well-defined parts)	44%

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	921	960	960	218±12
All	All	18420	19200	19200	4362

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 116.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:LEU:HD13	1:A:78:ILE:N	1.13	1.58	6	4
1:A:61:ALA:O	1:A:63:ARG:N	1.10	1.85	15	20
1:A:117:THR:HG22	1:A:118:THR:H	1.04	1.11	16	20
1:A:10:LEU:HD22	1:A:23:VAL:HG22	1.03	1.30	10	13
1:A:115:LEU:N	1:A:115:LEU:HD12	1.03	1.67	12	2
1:A:11:GLN:O	1:A:12:LEU:HD12	0.99	1.55	19	10
1:A:14:ALA:HB3	1:A:51:ALA:N	0.98	1.72	1	17
1:A:77:LEU:HD21	1:A:107:ILE:CD1	0.98	1.88	12	3
1:A:76:TYR:CZ	1:A:77:LEU:HD22	0.98	1.93	20	10
1:A:11:GLN:H	1:A:11:GLN:NE2	0.97	1.57	7	3
1:A:51:ALA:C	1:A:52:ILE:HD12	0.96	1.81	9	1
1:A:76:TYR:CE1	1:A:77:LEU:HD12	0.94	1.96	6	4
1:A:68:VAL:O	1:A:68:VAL:HG12	0.94	1.63	17	6
1:A:68:VAL:HG12	1:A:68:VAL:O	0.93	1.63	5	9

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:LEU:HD22	1:A:77:LEU:O	0.93	1.62	12	4
1:A:18:THR:O	1:A:20:ALA:N	0.91	2.03	15	20
1:A:71:THR:HG21	1:A:79:ARG:NE	0.91	1.81	12	3
1:A:71:THR:HG21	1:A:79:ARG:CZ	0.91	1.95	20	2
1:A:27:LEU:HD12	1:A:37:PHE:CE2	0.90	2.01	1	20
1:A:139:VAL:O	1:A:139:VAL:HG13	0.90	1.67	20	7
1:A:10:LEU:O	1:A:55:VAL:N	0.89	2.05	15	20
1:A:73:PRO:O	1:A:75:SER:N	0.89	2.05	18	20
1:A:14:ALA:HB3	1:A:51:ALA:H	0.89	1.28	15	7
1:A:67:PHE:O	1:A:68:VAL:HG23	0.88	1.69	6	20
1:A:74:ALA:HB1	1:A:78:ILE:HD12	0.88	1.45	4	18
1:A:139:VAL:HG13	1:A:139:VAL:O	0.88	1.67	11	4
1:A:5:VAL:HG11	1:A:61:ALA:HB2	0.87	1.46	6	18
1:A:77:LEU:HD23	1:A:78:ILE:N	0.87	1.85	18	14
1:A:70:LYS:N	1:A:70:LYS:CD	0.85	2.40	13	3
1:A:10:LEU:CD2	1:A:23:VAL:HG22	0.84	2.01	14	13
1:A:117:THR:HG22	1:A:118:THR:N	0.84	1.87	12	20
1:A:77:LEU:HD13	1:A:77:LEU:C	0.83	1.91	12	3
1:A:105:LEU:HD13	1:A:120:LEU:HD13	0.83	1.49	7	20
1:A:59:ILE:HG23	1:A:64:SER:O	0.83	1.72	9	4
1:A:70:LYS:O	1:A:71:THR:OG1	0.82	1.97	20	20
1:A:70:LYS:CD	1:A:70:LYS:N	0.82	2.41	18	4
1:A:71:THR:HG21	1:A:79:ARG:NH2	0.82	1.89	20	1
1:A:84:LEU:CD2	1:A:97:GLY:N	0.82	2.43	20	1
1:A:96:VAL:O	1:A:98:ARG:N	0.81	2.13	20	1
1:A:79:ARG:NH1	1:A:134:MET:SD	0.81	2.55	1	1
1:A:51:ALA:O	1:A:52:ILE:HD12	0.80	1.77	9	1
1:A:44:ALA:HB1	1:A:70:LYS:NZ	0.80	1.91	3	4
1:A:4:VAL:N	1:A:60:TYR:CE2	0.79	2.51	17	14
1:A:76:TYR:CE1	1:A:77:LEU:HD22	0.79	2.12	2	10
1:A:77:LEU:C	1:A:77:LEU:HD13	0.79	1.97	10	1
1:A:11:GLN:NE2	1:A:11:GLN:O	0.79	2.16	10	1
1:A:74:ALA:N	1:A:76:TYR:CE2	0.78	2.52	18	3
1:A:8:VAL:CG1	1:A:10:LEU:HD12	0.78	2.08	2	2
1:A:30:HIS:CD2	1:A:31:GLY:N	0.77	2.53	18	4
1:A:115:LEU:CD1	1:A:115:LEU:N	0.77	2.40	12	2
1:A:76:TYR:CZ	1:A:77:LEU:HD12	0.77	2.14	7	3
1:A:11:GLN:HE21	1:A:11:GLN:H	0.77	1.19	7	2
1:A:61:ALA:C	1:A:63:ARG:H	0.77	1.83	5	19
1:A:30:HIS:CG	1:A:30:HIS:O	0.77	2.36	9	5
1:A:79:ARG:NH2	1:A:134:MET:SD	0.77	2.57	17	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:LEU:C	1:A:77:LEU:HD12	0.77	1.99	4	1
1:A:65:PHE:CD1	1:A:65:PHE:N	0.77	2.50	15	8
1:A:71:THR:HG21	1:A:79:ARG:CD	0.77	2.10	14	5
1:A:30:HIS:O	1:A:30:HIS:CG	0.76	2.38	19	2
1:A:116:ASN:ND2	1:A:117:THR:N	0.76	2.32	19	2
1:A:105:LEU:O	1:A:109:LYS:N	0.76	2.14	3	20
1:A:108:ALA:HB2	1:A:127:ILE:CG1	0.76	2.10	19	20
1:A:14:ALA:HB3	1:A:51:ALA:C	0.76	2.01	11	11
1:A:11:GLN:N	1:A:11:GLN:NE2	0.76	2.33	7	9
1:A:81:ALA:HB1	1:A:103:GLN:OE1	0.76	1.80	8	8
1:A:14:ALA:O	1:A:16:LYS:N	0.76	2.19	20	2
1:A:11:GLN:H	1:A:11:GLN:HE21	0.76	1.20	18	2
1:A:77:LEU:HD23	1:A:77:LEU:C	0.75	2.02	19	5
1:A:75:SER:OG	1:A:79:ARG:NH1	0.75	2.19	1	2
1:A:28:GLY:O	1:A:32:ALA:N	0.75	2.19	9	5
1:A:14:ALA:N	1:A:51:ALA:O	0.75	2.20	6	17
1:A:8:VAL:HG13	1:A:10:LEU:HD12	0.75	1.57	2	2
1:A:7:VAL:HG22	1:A:7:VAL:O	0.75	1.79	4	12
1:A:8:VAL:O	1:A:55:VAL:O	0.75	2.05	13	20
1:A:23:VAL:HG12	1:A:27:LEU:N	0.75	1.96	3	19
1:A:27:LEU:CD1	1:A:37:PHE:CE2	0.74	2.70	8	19
1:A:23:VAL:O	1:A:25:PRO:HD2	0.74	1.82	12	20
1:A:30:HIS:CG	1:A:31:GLY:N	0.74	2.55	18	13
1:A:27:LEU:HD12	1:A:37:PHE:CD2	0.74	2.18	10	14
1:A:7:VAL:O	1:A:7:VAL:HG22	0.74	1.81	20	8
1:A:4:VAL:N	1:A:60:TYR:CD2	0.74	2.56	20	11
1:A:83:GLY:O	1:A:84:LEU:HD23	0.74	1.82	9	2
1:A:99:ILE:O	1:A:139:VAL:N	0.74	2.21	20	20
1:A:71:THR:OG1	1:A:75:SER:OG	0.74	2.06	10	13
1:A:65:PHE:N	1:A:65:PHE:CD1	0.74	2.55	20	7
1:A:127:ILE:O	1:A:130:SER:OG	0.73	2.06	9	5
1:A:30:HIS:O	1:A:30:HIS:CD2	0.73	2.42	19	4
1:A:97:GLY:HA3	1:A:136:VAL:HG22	0.73	1.61	9	3
1:A:11:GLN:O	1:A:11:GLN:NE2	0.73	2.22	6	1
1:A:63:ARG:O	1:A:63:ARG:NE	0.73	2.22	14	2
1:A:11:GLN:N	1:A:11:GLN:HE21	0.72	1.81	18	4
1:A:112:MET:O	1:A:112:MET:SD	0.72	2.47	18	8
1:A:30:HIS:ND1	1:A:31:GLY:N	0.72	2.38	6	6
1:A:115:LEU:H	1:A:115:LEU:HD12	0.72	1.41	8	2
1:A:68:VAL:CG1	1:A:68:VAL:O	0.72	2.37	18	5
1:A:132:ARG:CG	1:A:132:ARG:HH11	0.72	1.98	15	3

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:LEU:C	1:A:77:LEU:HD23	0.72	2.05	13	6
1:A:98:ARG:HH11	1:A:98:ARG:CG	0.72	1.98	13	3
1:A:132:ARG:HH11	1:A:132:ARG:CG	0.72	1.98	3	4
1:A:98:ARG:CG	1:A:98:ARG:HH11	0.72	1.98	15	5
1:A:125:ARG:CG	1:A:125:ARG:HH11	0.72	1.98	13	4
1:A:79:ARG:NH1	1:A:84:LEU:HD12	0.72	2.00	18	1
1:A:68:VAL:O	1:A:68:VAL:CG1	0.72	2.38	20	2
1:A:75:SER:HG	1:A:79:ARG:CG	0.71	1.98	14	4
1:A:115:LEU:CD1	1:A:115:LEU:H	0.71	1.97	8	1
1:A:4:VAL:N	1:A:60:TYR:CZ	0.71	2.58	15	8
1:A:133:SER:O	1:A:135:GLY:N	0.71	2.23	6	20
1:A:82:ALA:O	1:A:98:ARG:O	0.71	2.08	12	19
1:A:126:MET:O	1:A:130:SER:N	0.71	2.23	20	20
1:A:77:LEU:HD12	1:A:78:ILE:N	0.71	2.00	4	1
1:A:14:ALA:HB3	1:A:51:ALA:CA	0.71	2.16	8	16
1:A:100:THR:HG22	1:A:139:VAL:CG1	0.71	2.15	1	11
1:A:119:ASP:OD1	1:A:119:ASP:N	0.71	2.24	16	3
1:A:116:ASN:HD22	1:A:117:THR:N	0.71	1.84	3	2
1:A:68:VAL:CG1	1:A:70:LYS:NZ	0.71	2.54	6	1
1:A:79:ARG:HH11	1:A:79:ARG:CG	0.71	1.98	20	3
1:A:23:VAL:HG13	1:A:26:ALA:HB3	0.71	1.63	19	13
1:A:139:VAL:CG1	1:A:139:VAL:O	0.71	2.39	11	4
1:A:79:ARG:CZ	1:A:84:LEU:CD1	0.71	2.69	12	2
1:A:112:MET:SD	1:A:112:MET:O	0.71	2.49	19	5
1:A:99:ILE:O	1:A:139:VAL:HG12	0.70	1.85	5	15
1:A:4:VAL:HB	1:A:60:TYR:CE1	0.70	2.21	20	14
1:A:125:ARG:HH11	1:A:125:ARG:CG	0.70	1.98	15	2
1:A:115:LEU:H	1:A:115:LEU:CD1	0.70	1.98	12	1
1:A:15:GLY:O	1:A:17:ALA:N	0.70	2.24	20	2
1:A:79:ARG:NH1	1:A:84:LEU:CD1	0.70	2.53	3	2
1:A:104:VAL:HG21	1:A:128:ALA:HB2	0.70	1.63	20	20
1:A:10:LEU:CD2	1:A:23:VAL:CG2	0.70	2.69	4	12
1:A:131:ALA:HB1	1:A:136:VAL:CG1	0.70	2.16	12	20
1:A:84:LEU:HD23	1:A:84:LEU:N	0.70	2.01	15	3
1:A:139:VAL:O	1:A:139:VAL:CG1	0.70	2.40	20	7
1:A:30:HIS:CE1	1:A:65:PHE:CE1	0.70	2.80	20	2
1:A:65:PHE:CD2	1:A:65:PHE:O	0.70	2.45	7	5
1:A:117:THR:CG2	1:A:118:THR:H	0.70	1.96	16	20
1:A:125:ARG:O	1:A:129:GLY:N	0.70	2.25	4	20
1:A:30:HIS:O	1:A:63:ARG:CG	0.70	2.40	14	7
1:A:75:SER:HG	1:A:79:ARG:HG3	0.69	1.47	1	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:11:GLN:NE2	1:A:11:GLN:N	0.69	2.40	19	9
1:A:99:ILE:HD12	1:A:104:VAL:CG1	0.69	2.18	15	11
1:A:63:ARG:HH11	1:A:63:ARG:CG	0.69	1.98	15	2
1:A:30:HIS:O	1:A:63:ARG:CD	0.69	2.41	6	2
1:A:61:ALA:C	1:A:63:ARG:N	0.69	2.45	10	20
1:A:25:PRO:O	1:A:27:LEU:N	0.69	2.26	5	14
1:A:47:ASN:OD1	1:A:48:MET:N	0.69	2.26	18	2
1:A:68:VAL:HG13	1:A:70:LYS:NZ	0.69	2.02	16	3
1:A:14:ALA:C	1:A:45:THR:HB	0.68	2.07	10	11
1:A:99:ILE:HD13	1:A:104:VAL:HG12	0.68	1.65	20	1
1:A:63:ARG:CG	1:A:63:ARG:NH1	0.68	2.56	15	1
1:A:125:ARG:NH1	1:A:125:ARG:CG	0.68	2.57	15	5
1:A:10:LEU:HD22	1:A:23:VAL:CG2	0.68	2.16	8	15
1:A:98:ARG:CG	1:A:98:ARG:NH1	0.68	2.56	13	6
1:A:11:GLN:HE21	1:A:11:GLN:N	0.68	1.86	10	2
1:A:28:GLY:O	1:A:30:HIS:N	0.68	2.27	12	5
1:A:67:PHE:O	1:A:67:PHE:CD1	0.68	2.46	16	7
1:A:132:ARG:CG	1:A:132:ARG:NH1	0.68	2.56	16	3
1:A:75:SER:OG	1:A:134:MET:SD	0.68	2.52	2	1
1:A:79:ARG:O	1:A:83:GLY:N	0.68	2.26	20	1
1:A:71:THR:CB	1:A:75:SER:OG	0.68	2.42	7	7
1:A:44:ALA:O	1:A:47:ASN:ND2	0.68	2.26	19	2
1:A:132:ARG:NH1	1:A:132:ARG:CG	0.68	2.57	10	4
1:A:71:THR:HG21	1:A:79:ARG:NH1	0.68	2.04	20	1
1:A:98:ARG:NH1	1:A:98:ARG:CG	0.68	2.56	14	2
1:A:132:ARG:O	1:A:135:GLY:N	0.68	2.27	8	15
1:A:20:ALA:N	1:A:21:PRO:HD3	0.68	2.03	5	20
1:A:70:LYS:O	1:A:76:TYR:HA	0.67	1.89	18	19
1:A:126:MET:O	1:A:130:SER:CB	0.67	2.43	7	16
1:A:83:GLY:O	1:A:96:VAL:N	0.67	2.27	20	1
1:A:38:VAL:CG1	1:A:42:ASN:ND2	0.67	2.58	16	6
1:A:35:MET:O	1:A:39:LYS:N	0.67	2.24	20	17
1:A:65:PHE:O	1:A:65:PHE:CD2	0.67	2.48	11	4
1:A:34:ILE:O	1:A:37:PHE:HB3	0.67	1.89	9	20
1:A:48:MET:CG	1:A:49:GLY:H	0.67	2.02	20	16
1:A:27:LEU:CD1	1:A:37:PHE:CD2	0.67	2.77	8	20
1:A:75:SER:OG	1:A:79:ARG:CG	0.67	2.43	15	8
1:A:67:PHE:CD1	1:A:67:PHE:O	0.67	2.47	8	6
1:A:71:THR:OG1	1:A:75:SER:O	0.66	2.13	10	11
1:A:7:VAL:O	1:A:9:LYS:N	0.66	2.28	20	20
1:A:6:ALA:O	1:A:59:ILE:N	0.66	2.25	15	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:59:ILE:HA	1:A:64:SER:O	0.66	1.90	16	8
1:A:33:ASN:OD1	1:A:33:ASN:N	0.66	2.28	18	1
1:A:14:ALA:HB3	1:A:51:ALA:HB3	0.66	1.66	18	11
1:A:8:VAL:HB	1:A:57:ILE:HD12	0.66	1.64	8	20
1:A:77:LEU:C	1:A:77:LEU:HD22	0.66	2.11	12	2
1:A:98:ARG:HG3	1:A:98:ARG:HH11	0.66	1.50	12	1
1:A:67:PHE:O	1:A:68:VAL:CG2	0.66	2.44	10	20
1:A:47:ASN:O	1:A:47:ASN:ND2	0.66	2.29	15	1
1:A:75:SER:HA	1:A:78:ILE:HB	0.66	1.66	9	8
1:A:79:ARG:CG	1:A:79:ARG:NH1	0.66	2.56	5	2
1:A:37:PHE:CD1	1:A:37:PHE:C	0.66	2.69	10	11
1:A:70:LYS:N	1:A:70:LYS:HD3	0.66	2.06	20	4
1:A:82:ALA:HB1	1:A:97:GLY:HA2	0.65	1.68	20	3
1:A:105:LEU:O	1:A:108:ALA:N	0.65	2.30	15	20
1:A:96:VAL:HG12	1:A:97:GLY:N	0.65	2.06	20	10
1:A:13:PRO:O	1:A:15:GLY:N	0.65	2.26	7	9
1:A:63:ARG:O	1:A:63:ARG:CG	0.65	2.44	6	4
1:A:35:MET:O	1:A:39:LYS:CG	0.65	2.45	12	4
1:A:83:GLY:O	1:A:96:VAL:CG1	0.65	2.45	18	2
1:A:120:LEU:O	1:A:124:ALA:HB2	0.65	1.91	5	20
1:A:38:VAL:O	1:A:42:ASN:N	0.65	2.30	13	16
1:A:63:ARG:CZ	1:A:63:ARG:O	0.65	2.45	19	1
1:A:79:ARG:NH1	1:A:79:ARG:CG	0.65	2.57	20	2
1:A:79:ARG:CD	1:A:84:LEU:HD11	0.65	2.21	7	5
1:A:42:ASN:O	1:A:46:ALA:CB	0.65	2.45	10	20
1:A:77:LEU:HD21	1:A:107:ILE:HD13	0.64	1.68	19	4
1:A:79:ARG:HH11	1:A:79:ARG:HG2	0.64	1.51	18	2
1:A:76:TYR:CE2	1:A:77:LEU:CD2	0.64	2.80	4	1
1:A:63:ARG:NH1	1:A:63:ARG:CG	0.64	2.59	4	1
1:A:119:ASP:OD2	1:A:122:ALA:HB2	0.64	1.93	18	1
1:A:100:THR:O	1:A:104:VAL:HG13	0.64	1.92	12	20
1:A:16:LYS:CG	1:A:16:LYS:O	0.64	2.45	20	3
1:A:14:ALA:CB	1:A:51:ALA:HB3	0.64	2.22	8	11
1:A:99:ILE:HD12	1:A:104:VAL:HG12	0.64	1.69	15	1
1:A:117:THR:C	1:A:118:THR:HG22	0.64	2.11	16	20
1:A:70:LYS:HD3	1:A:70:LYS:N	0.64	2.07	19	3
1:A:68:VAL:HG13	1:A:70:LYS:HZ3	0.64	1.53	16	3
1:A:76:TYR:CE2	1:A:77:LEU:HD23	0.64	2.28	4	1
1:A:98:ARG:CB	1:A:98:ARG:CZ	0.64	2.75	12	1
1:A:72:PRO:O	1:A:75:SER:OG	0.64	2.13	8	9
1:A:102:GLU:OE2	1:A:106:GLU:CG	0.64	2.46	13	6

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:128:ALA:O	1:A:131:ALA:N	0.64	2.31	15	20
1:A:32:ALA:C	1:A:33:ASN:ND2	0.64	2.51	15	2
1:A:71:THR:HG21	1:A:79:ARG:HD3	0.64	1.70	14	2
1:A:79:ARG:HD3	1:A:84:LEU:HD11	0.64	1.69	7	3
1:A:78:ILE:O	1:A:82:ALA:HB2	0.64	1.91	2	16
1:A:70:LYS:C	1:A:71:THR:OG1	0.63	2.36	20	5
1:A:77:LEU:HD22	1:A:77:LEU:C	0.63	2.12	7	2
1:A:72:PRO:O	1:A:73:PRO:O	0.63	2.17	4	19
1:A:37:PHE:C	1:A:37:PHE:CD1	0.63	2.70	7	9
1:A:119:ASP:N	1:A:119:ASP:OD1	0.63	2.29	3	1
1:A:75:SER:OG	1:A:79:ARG:NE	0.63	2.31	15	2
1:A:134:MET:SD	1:A:136:VAL:HG23	0.63	2.33	17	6
1:A:79:ARG:HG2	1:A:79:ARG:HH11	0.63	1.54	1	2
1:A:125:ARG:HH11	1:A:125:ARG:HG3	0.63	1.53	11	1
1:A:13:PRO:HA	1:A:52:ILE:HA	0.63	1.69	15	1
1:A:63:ARG:CD	1:A:63:ARG:O	0.63	2.46	4	2
1:A:31:GLY:O	1:A:32:ALA:HB3	0.62	1.93	15	20
1:A:71:THR:OG1	1:A:75:SER:CB	0.62	2.47	6	12
1:A:126:MET:O	1:A:130:SER:OG	0.62	2.17	10	16
1:A:12:LEU:O	1:A:53:VAL:N	0.62	2.31	15	1
1:A:12:LEU:HD23	1:A:13:PRO:HD2	0.62	1.72	10	8
1:A:100:THR:HA	1:A:139:VAL:HG12	0.62	1.71	9	5
1:A:44:ALA:O	1:A:48:MET:SD	0.62	2.58	9	8
1:A:8:VAL:O	1:A:56:GLU:HA	0.62	1.94	19	20
1:A:71:THR:OG1	1:A:75:SER:C	0.62	2.38	16	14
1:A:30:HIS:C	1:A:30:HIS:CD2	0.62	2.73	15	3
1:A:17:ALA:HB3	1:A:38:VAL:HG13	0.62	1.72	7	8
1:A:10:LEU:HD13	1:A:23:VAL:CG2	0.62	2.25	5	2
1:A:11:GLN:NE2	1:A:11:GLN:C	0.62	2.53	10	1
1:A:23:VAL:CG1	1:A:26:ALA:C	0.62	2.68	7	6
1:A:101:TRP:O	1:A:104:VAL:HG22	0.62	1.93	15	20
1:A:14:ALA:HB3	1:A:51:ALA:CB	0.62	2.25	10	11
1:A:30:HIS:C	1:A:30:HIS:ND1	0.62	2.52	8	2
1:A:30:HIS:ND1	1:A:30:HIS:C	0.62	2.53	12	4
1:A:18:THR:C	1:A:20:ALA:H	0.61	1.96	1	20
1:A:79:ARG:HH21	1:A:134:MET:CG	0.61	2.07	18	2
1:A:74:ALA:HB1	1:A:78:ILE:CD1	0.61	2.25	14	14
1:A:134:MET:SD	1:A:136:VAL:CG2	0.61	2.88	17	7
1:A:30:HIS:CD2	1:A:65:PHE:CE1	0.61	2.89	13	3
1:A:33:ASN:ND2	1:A:36:GLU:OE1	0.61	2.33	6	2
1:A:9:LYS:NZ	1:A:9:LYS:CB	0.61	2.62	13	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:133:SER:C	1:A:135:GLY:H	0.61	1.98	5	20
1:A:120:LEU:O	1:A:124:ALA:CB	0.61	2.49	9	20
1:A:14:ALA:O	1:A:49:GLY:O	0.61	2.18	10	2
1:A:116:ASN:C	1:A:116:ASN:ND2	0.61	2.53	3	1
1:A:30:HIS:NE2	1:A:65:PHE:CE1	0.61	2.68	13	1
1:A:79:ARG:CZ	1:A:134:MET:SD	0.61	2.88	17	2
1:A:76:TYR:CE2	1:A:77:LEU:HB3	0.61	2.31	13	16
1:A:81:ALA:CB	1:A:103:GLN:OE1	0.61	2.49	9	5
1:A:83:GLY:C	1:A:84:LEU:HD23	0.61	2.16	2	3
1:A:38:VAL:CG1	1:A:42:ASN:HD22	0.60	2.09	20	2
1:A:23:VAL:CG1	1:A:26:ALA:HB3	0.60	2.26	6	20
1:A:110:GLN:N	1:A:110:GLN:CD	0.60	2.55	17	2
1:A:77:LEU:HD11	1:A:107:ILE:HG12	0.60	1.73	1	9
1:A:15:GLY:C	1:A:17:ALA:H	0.60	1.99	13	2
1:A:103:GLN:O	1:A:107:ILE:CG1	0.60	2.49	12	1
1:A:48:MET:CG	1:A:49:GLY:N	0.60	2.65	20	15
1:A:79:ARG:CG	1:A:79:ARG:HH11	0.60	2.08	18	1
1:A:17:ALA:CB	1:A:38:VAL:HG13	0.60	2.26	17	10
1:A:112:MET:SD	1:A:123:ALA:CB	0.60	2.89	2	5
1:A:44:ALA:O	1:A:47:ASN:OD1	0.60	2.19	12	3
1:A:41:PHE:CD2	1:A:45:THR:HG21	0.60	2.32	18	16
1:A:77:LEU:CD2	1:A:77:LEU:C	0.59	2.69	19	3
1:A:100:THR:HG22	1:A:139:VAL:HG12	0.59	1.72	20	11
1:A:30:HIS:CD2	1:A:65:PHE:CD1	0.59	2.91	13	4
1:A:125:ARG:O	1:A:129:GLY:CA	0.59	2.50	1	20
1:A:30:HIS:ND1	1:A:65:PHE:CD1	0.59	2.69	17	1
1:A:77:LEU:C	1:A:77:LEU:CD1	0.59	2.70	10	2
1:A:131:ALA:HB1	1:A:136:VAL:HB	0.59	1.74	9	13
1:A:77:LEU:HD21	1:A:107:ILE:HG12	0.59	1.73	6	3
1:A:12:LEU:O	1:A:52:ILE:HA	0.59	1.98	15	1
1:A:38:VAL:HG12	1:A:42:ASN:ND2	0.59	2.13	4	5
1:A:9:LYS:CB	1:A:9:LYS:NZ	0.59	2.65	2	1
1:A:44:ALA:HB1	1:A:70:LYS:HZ3	0.59	1.57	4	2
1:A:71:THR:O	1:A:72:PRO:O	0.59	2.21	3	20
1:A:74:ALA:O	1:A:76:TYR:CD1	0.59	2.56	9	18
1:A:68:VAL:CG1	1:A:70:LYS:HZ1	0.59	2.10	6	1
1:A:12:LEU:HD13	1:A:55:VAL:HG11	0.59	1.74	1	8
1:A:75:SER:OG	1:A:79:ARG:CD	0.59	2.51	2	2
1:A:133:SER:C	1:A:135:GLY:N	0.58	2.56	5	20
1:A:23:VAL:O	1:A:25:PRO:CD	0.58	2.51	12	20
1:A:67:PHE:CD1	1:A:67:PHE:N	0.58	2.71	19	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:GLY:H	1:A:45:THR:CB	0.58	2.12	20	2
1:A:71:THR:C	1:A:75:SER:OG	0.58	2.41	7	3
1:A:33:ASN:OD1	1:A:33:ASN:O	0.58	2.21	8	1
1:A:30:HIS:NE2	1:A:33:ASN:ND2	0.58	2.51	18	2
1:A:75:SER:OG	1:A:134:MET:CE	0.58	2.51	2	1
1:A:11:GLN:O	1:A:12:LEU:CD1	0.58	2.43	19	1
1:A:47:ASN:OD1	1:A:47:ASN:C	0.58	2.42	12	2
1:A:59:ILE:CG2	1:A:64:SER:O	0.58	2.51	9	1
1:A:45:THR:O	1:A:49:GLY:O	0.58	2.22	9	12
1:A:79:ARG:O	1:A:82:ALA:HB3	0.57	2.00	11	6
1:A:74:ALA:O	1:A:76:TYR:N	0.57	2.36	10	18
1:A:66:THR:O	1:A:67:PHE:HB3	0.57	1.98	10	13
1:A:137:GLU:OE1	1:A:138:VAL:O	0.57	2.22	20	2
1:A:23:VAL:HG12	1:A:26:ALA:C	0.57	2.20	12	9
1:A:108:ALA:HB1	1:A:123:ALA:HB1	0.57	1.75	14	13
1:A:65:PHE:CG	1:A:65:PHE:O	0.57	2.56	19	2
1:A:54:PRO:O	1:A:69:THR:HG21	0.57	1.98	15	2
1:A:71:THR:CG2	1:A:79:ARG:NH2	0.57	2.67	20	1
1:A:96:VAL:CG1	1:A:97:GLY:N	0.57	2.67	20	7
1:A:97:GLY:CA	1:A:136:VAL:HG22	0.57	2.29	12	3
1:A:84:LEU:HD23	1:A:96:VAL:HG12	0.57	1.76	15	1
1:A:27:LEU:HD13	1:A:37:PHE:CD2	0.57	2.35	8	2
1:A:41:PHE:O	1:A:45:THR:HG23	0.57	1.99	4	6
1:A:4:VAL:N	1:A:60:TYR:CE1	0.57	2.72	15	4
1:A:11:GLN:NE2	1:A:11:GLN:H	0.57	1.95	10	1
1:A:137:GLU:CD	1:A:138:VAL:N	0.57	2.58	20	2
1:A:27:LEU:O	1:A:29:GLN:N	0.57	2.37	5	19
1:A:63:ARG:HG3	1:A:63:ARG:NH1	0.57	2.15	4	2
1:A:77:LEU:HD21	1:A:107:ILE:HD11	0.57	1.72	12	1
1:A:7:VAL:CG2	1:A:7:VAL:O	0.56	2.52	4	10
1:A:8:VAL:CB	1:A:57:ILE:HD12	0.56	2.30	8	18
1:A:111:LYS:NZ	1:A:126:MET:SD	0.56	2.78	15	3
1:A:98:ARG:HD3	1:A:139:VAL:HG23	0.56	1.76	8	5
1:A:109:LYS:HE3	1:A:120:LEU:HD11	0.56	1.76	17	2
1:A:29:GLN:OE1	1:A:29:GLN:O	0.56	2.22	16	1
1:A:108:ALA:HB2	1:A:127:ILE:HG12	0.56	1.77	14	20
1:A:17:ALA:O	1:A:18:THR:HG23	0.56	1.99	10	12
1:A:84:LEU:HD21	1:A:97:GLY:N	0.56	2.13	20	1
1:A:127:ILE:C	1:A:130:SER:HG	0.56	2.03	9	2
1:A:102:GLU:OE2	1:A:106:GLU:OE1	0.56	2.22	9	2
1:A:63:ARG:O	1:A:63:ARG:CD	0.56	2.54	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:7:VAL:O	1:A:7:VAL:CG2	0.56	2.53	16	6
1:A:39:LYS:O	1:A:43:ALA:CB	0.56	2.53	13	17
1:A:84:LEU:CD2	1:A:97:GLY:H	0.56	2.12	20	1
1:A:114:ASP:OD1	1:A:114:ASP:O	0.56	2.24	9	5
1:A:11:GLN:CD	1:A:11:GLN:N	0.56	2.59	19	4
1:A:105:LEU:HD13	1:A:120:LEU:CD1	0.56	2.28	7	16
1:A:112:MET:SD	1:A:123:ALA:HB3	0.56	2.40	2	4
1:A:44:ALA:HB1	1:A:70:LYS:HZ2	0.56	1.61	9	2
1:A:79:ARG:NE	1:A:84:LEU:HD11	0.56	2.16	5	1
1:A:43:ALA:O	1:A:47:ASN:OD1	0.56	2.24	2	1
1:A:11:GLN:C	1:A:11:GLN:NE2	0.56	2.59	6	1
1:A:80:LYS:CD	1:A:80:LYS:C	0.55	2.74	15	1
1:A:136:VAL:CG1	1:A:137:GLU:N	0.55	2.69	2	17
1:A:43:ALA:O	1:A:47:ASN:CG	0.55	2.45	5	2
1:A:10:LEU:O	1:A:54:PRO:C	0.55	2.45	12	10
1:A:110:GLN:CD	1:A:110:GLN:N	0.55	2.60	1	1
1:A:98:ARG:CB	1:A:98:ARG:NH1	0.55	2.69	12	1
1:A:132:ARG:CD	1:A:132:ARG:C	0.55	2.75	2	6
1:A:17:ALA:O	1:A:42:ASN:ND2	0.55	2.39	10	2
1:A:10:LEU:HD13	1:A:23:VAL:HG22	0.55	1.77	5	1
1:A:41:PHE:O	1:A:44:ALA:N	0.55	2.39	15	17
1:A:132:ARG:C	1:A:132:ARG:CD	0.55	2.75	17	5
1:A:63:ARG:O	1:A:63:ARG:HD3	0.55	2.02	4	1
1:A:131:ALA:HB1	1:A:136:VAL:CB	0.55	2.32	12	10
1:A:139:VAL:O	1:A:139:VAL:HG22	0.55	2.02	5	1
1:A:28:GLY:C	1:A:30:HIS:N	0.55	2.59	7	5
1:A:25:PRO:C	1:A:27:LEU:N	0.54	2.61	5	14
1:A:83:GLY:O	1:A:96:VAL:HG13	0.54	2.02	6	2
1:A:115:LEU:C	1:A:115:LEU:HD12	0.54	2.23	18	1
1:A:117:THR:CG2	1:A:118:THR:N	0.54	2.64	10	14
1:A:114:ASP:CG	1:A:114:ASP:O	0.54	2.46	15	4
1:A:117:THR:CG2	1:A:122:ALA:HB3	0.54	2.32	6	12
1:A:126:MET:O	1:A:130:SER:HB3	0.54	2.02	2	4
1:A:39:LYS:O	1:A:43:ALA:HB2	0.54	2.02	11	14
1:A:30:HIS:NE2	1:A:33:ASN:O	0.54	2.40	17	1
1:A:75:SER:OG	1:A:79:ARG:HG2	0.54	2.02	15	6
1:A:47:ASN:C	1:A:47:ASN:HD22	0.54	2.06	15	1
1:A:71:THR:HG21	1:A:79:ARG:HG3	0.54	1.78	1	7
1:A:114:ASP:O	1:A:114:ASP:CG	0.54	2.46	14	2
1:A:11:GLN:HE21	1:A:11:GLN:C	0.54	2.06	10	2
1:A:109:LYS:HG2	1:A:120:LEU:HD21	0.54	1.79	5	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:LEU:C	1:A:11:GLN:NE2	0.54	2.60	9	3
1:A:83:GLY:O	1:A:96:VAL:CA	0.54	2.56	20	1
1:A:136:VAL:HG12	1:A:137:GLU:N	0.54	2.17	2	17
1:A:105:LEU:HD22	1:A:120:LEU:HD22	0.54	1.79	15	19
1:A:84:LEU:CD2	1:A:84:LEU:N	0.54	2.68	15	1
1:A:137:GLU:CD	1:A:138:VAL:H	0.54	2.05	20	2
1:A:79:ARG:HE	1:A:134:MET:CE	0.54	2.16	18	1
1:A:34:ILE:O	1:A:37:PHE:N	0.54	2.41	7	15
1:A:112:MET:CE	1:A:119:ASP:O	0.54	2.55	18	1
1:A:71:THR:CB	1:A:79:ARG:HE	0.54	2.16	19	1
1:A:53:VAL:HG22	1:A:71:THR:C	0.53	2.24	18	6
1:A:81:ALA:HB1	1:A:99:ILE:HG22	0.53	1.79	20	1
1:A:114:ASP:OD1	1:A:114:ASP:C	0.53	2.46	3	3
1:A:33:ASN:N	1:A:33:ASN:ND2	0.53	2.57	7	1
1:A:30:HIS:O	1:A:63:ARG:CB	0.53	2.56	20	4
1:A:42:ASN:O	1:A:46:ALA:HB3	0.53	2.03	8	3
1:A:79:ARG:HG2	1:A:79:ARG:NH1	0.53	2.18	1	1
1:A:77:LEU:CD1	1:A:77:LEU:C	0.53	2.68	7	3
1:A:16:LYS:O	1:A:16:LYS:CG	0.53	2.55	9	1
1:A:71:THR:HG22	1:A:72:PRO:HD2	0.53	1.79	20	1
1:A:10:LEU:N	1:A:55:VAL:O	0.53	2.42	19	20
1:A:28:GLY:O	1:A:29:GLN:C	0.53	2.44	9	5
1:A:11:GLN:HA	1:A:54:PRO:HA	0.53	1.81	3	15
1:A:132:ARG:O	1:A:133:SER:C	0.53	2.47	7	17
1:A:71:THR:OG1	1:A:79:ARG:HG3	0.53	2.03	11	6
1:A:62:ASP:C	1:A:62:ASP:OD1	0.53	2.47	6	1
1:A:78:ILE:O	1:A:82:ALA:CB	0.53	2.57	12	14
1:A:44:ALA:O	1:A:48:MET:CG	0.53	2.57	15	5
1:A:71:THR:CB	1:A:75:SER:HG	0.53	2.16	17	3
1:A:75:SER:OG	1:A:79:ARG:CZ	0.53	2.57	1	1
1:A:58:THR:O	1:A:66:THR:OG1	0.53	2.26	19	1
1:A:53:VAL:HG13	1:A:71:THR:O	0.53	2.02	20	6
1:A:76:TYR:CD1	1:A:77:LEU:N	0.53	2.77	11	3
1:A:33:ASN:N	1:A:33:ASN:OD1	0.53	2.42	9	1
1:A:80:LYS:C	1:A:80:LYS:CD	0.53	2.77	19	1
1:A:4:VAL:HA	1:A:60:TYR:CE1	0.53	2.39	16	5
1:A:20:ALA:N	1:A:21:PRO:CD	0.53	2.71	15	20
1:A:44:ALA:CB	1:A:70:LYS:NZ	0.53	2.71	3	2
1:A:29:GLN:CD	1:A:29:GLN:O	0.52	2.47	17	2
1:A:98:ARG:HG3	1:A:98:ARG:NH1	0.52	2.20	4	4
1:A:15:GLY:N	1:A:45:THR:HB	0.52	2.19	8	9

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:4:VAL:CA	1:A:60:TYR:CE1	0.52	2.92	16	4
1:A:13:PRO:HB2	1:A:16:LYS:HB3	0.52	1.81	1	5
1:A:77:LEU:HD12	1:A:77:LEU:C	0.52	2.24	11	1
1:A:112:MET:N	1:A:113:PRO:HD3	0.52	2.20	16	11
1:A:16:LYS:CE	1:A:50:ASP:OD1	0.52	2.57	14	1
1:A:98:ARG:HH11	1:A:98:ARG:HG2	0.52	1.64	8	3
1:A:116:ASN:HD22	1:A:117:THR:H	0.52	1.45	19	1
1:A:18:THR:C	1:A:20:ALA:N	0.52	2.61	15	15
1:A:9:LYS:HB3	1:A:9:LYS:HZ3	0.52	1.64	13	2
1:A:132:ARG:NH1	1:A:132:ARG:HG3	0.52	2.20	10	3
1:A:98:ARG:NH1	1:A:98:ARG:HG3	0.52	2.20	16	3
1:A:4:VAL:HA	1:A:60:TYR:CD1	0.52	2.39	7	18
1:A:125:ARG:NH1	1:A:125:ARG:HG3	0.52	2.20	11	6
1:A:70:LYS:H	1:A:70:LYS:HD3	0.52	1.65	13	5
1:A:57:ILE:HA	1:A:67:PHE:CG	0.52	2.40	3	12
1:A:131:ALA:HB1	1:A:136:VAL:HG12	0.52	1.82	3	3
1:A:125:ARG:CG	1:A:125:ARG:NH1	0.52	2.72	11	1
1:A:129:GLY:O	1:A:132:ARG:HB3	0.52	2.05	18	20
1:A:25:PRO:C	1:A:27:LEU:H	0.52	2.08	5	10
1:A:62:ASP:OD1	1:A:62:ASP:C	0.52	2.48	5	2
1:A:75:SER:O	1:A:79:ARG:CG	0.51	2.59	12	6
1:A:70:LYS:HD2	1:A:70:LYS:N	0.51	2.20	13	5
1:A:77:LEU:HD13	1:A:78:ILE:H	0.51	1.59	10	1
1:A:14:ALA:CB	1:A:51:ALA:C	0.51	2.77	11	10
1:A:111:LYS:O	1:A:111:LYS:CD	0.51	2.58	9	1
1:A:102:GLU:CD	1:A:102:GLU:C	0.51	2.68	19	8
1:A:30:HIS:CD2	1:A:30:HIS:C	0.51	2.83	18	3
1:A:50:ASP:O	1:A:50:ASP:CG	0.51	2.49	12	1
1:A:108:ALA:CB	1:A:127:ILE:CG1	0.51	2.88	16	20
1:A:111:LYS:CD	1:A:111:LYS:O	0.51	2.59	7	4
1:A:102:GLU:C	1:A:102:GLU:CD	0.51	2.68	7	7
1:A:65:PHE:O	1:A:65:PHE:CG	0.51	2.62	7	4
1:A:34:ILE:O	1:A:35:MET:C	0.51	2.48	7	20
1:A:128:ALA:O	1:A:129:GLY:C	0.51	2.49	15	20
1:A:80:LYS:C	1:A:82:ALA:N	0.51	2.64	20	17
1:A:80:LYS:O	1:A:82:ALA:N	0.51	2.44	12	5
1:A:132:ARG:HG3	1:A:132:ARG:NH1	0.51	2.20	17	4
1:A:6:ALA:HB3	1:A:59:ILE:HB	0.51	1.83	15	2
1:A:30:HIS:ND1	1:A:30:HIS:O	0.51	2.43	1	2
1:A:79:ARG:HB3	1:A:84:LEU:HD12	0.51	1.83	2	3
1:A:80:LYS:C	1:A:82:ALA:H	0.51	2.09	12	9

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:50:ASP:O	1:A:51:ALA:HB2	0.51	2.06	15	9
1:A:112:MET:HE1	1:A:118:THR:O	0.51	2.05	18	1
1:A:31:GLY:O	1:A:32:ALA:CB	0.51	2.59	15	15
1:A:70:LYS:O	1:A:71:THR:CB	0.51	2.59	13	14
1:A:50:ASP:O	1:A:50:ASP:OD1	0.51	2.28	19	1
1:A:84:LEU:N	1:A:84:LEU:HD23	0.51	2.19	1	3
1:A:75:SER:OG	1:A:79:ARG:HG3	0.51	2.06	1	1
1:A:84:LEU:CD2	1:A:96:VAL:HG12	0.51	2.36	13	1
1:A:62:ASP:O	1:A:63:ARG:C	0.50	2.50	16	2
1:A:8:VAL:HG12	1:A:10:LEU:HB2	0.50	1.83	4	15
1:A:102:GLU:CD	1:A:102:GLU:O	0.50	2.50	2	6
1:A:35:MET:O	1:A:39:LYS:CB	0.50	2.59	12	2
1:A:29:GLN:O	1:A:31:GLY:N	0.50	2.42	19	2
1:A:106:GLU:OE1	1:A:107:ILE:N	0.50	2.45	19	1
1:A:57:ILE:HG12	1:A:67:PHE:CZ	0.50	2.42	15	11
1:A:35:MET:O	1:A:36:GLU:C	0.50	2.50	9	12
1:A:67:PHE:N	1:A:67:PHE:CD1	0.50	2.80	18	4
1:A:38:VAL:O	1:A:39:LYS:C	0.50	2.49	1	7
1:A:32:ALA:O	1:A:33:ASN:ND2	0.50	2.44	2	1
1:A:102:GLU:O	1:A:102:GLU:CD	0.50	2.50	8	6
1:A:17:ALA:HB1	1:A:38:VAL:HG13	0.50	1.84	8	2
1:A:79:ARG:HD2	1:A:84:LEU:HD11	0.50	1.81	5	3
1:A:115:LEU:HD12	1:A:115:LEU:O	0.50	2.05	18	1
1:A:112:MET:HA	1:A:115:LEU:HD11	0.50	1.83	8	2
1:A:74:ALA:C	1:A:76:TYR:N	0.50	2.65	10	11
1:A:106:GLU:C	1:A:106:GLU:CD	0.50	2.70	18	2
1:A:33:ASN:ND2	1:A:36:GLU:CB	0.50	2.75	8	1
1:A:102:GLU:OE2	1:A:106:GLU:CD	0.50	2.50	7	2
1:A:116:ASN:ND2	1:A:116:ASN:C	0.50	2.65	19	1
1:A:112:MET:CG	1:A:112:MET:O	0.50	2.60	10	3
1:A:112:MET:O	1:A:112:MET:CG	0.50	2.58	9	5
1:A:131:ALA:O	1:A:132:ARG:C	0.49	2.51	14	20
1:A:112:MET:N	1:A:113:PRO:CD	0.49	2.74	12	7
1:A:10:LEU:CD2	1:A:23:VAL:HG23	0.49	2.37	7	4
1:A:76:TYR:CG	1:A:77:LEU:N	0.49	2.80	7	14
1:A:79:ARG:HG3	1:A:79:ARG:NH1	0.49	2.21	5	2
1:A:21:PRO:O	1:A:23:VAL:N	0.49	2.45	17	5
1:A:98:ARG:CD	1:A:139:VAL:HG23	0.49	2.37	9	1
1:A:110:GLN:H	1:A:110:GLN:CD	0.49	2.11	17	2
1:A:102:GLU:CA	1:A:102:GLU:OE1	0.49	2.59	5	1
1:A:29:GLN:NE2	1:A:29:GLN:O	0.49	2.46	17	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:9:LYS:CG	1:A:9:LYS:O	0.49	2.61	13	7
1:A:134:MET:HG2	1:A:136:VAL:HG23	0.49	1.84	20	7
1:A:102:GLU:OE2	1:A:102:GLU:O	0.49	2.29	7	2
1:A:139:VAL:HG22	1:A:139:VAL:O	0.49	2.07	3	2
1:A:23:VAL:CG1	1:A:27:LEU:N	0.49	2.74	3	5
1:A:105:LEU:O	1:A:106:GLU:C	0.49	2.51	2	20
1:A:62:ASP:O	1:A:63:ARG:O	0.49	2.30	16	2
1:A:53:VAL:CG1	1:A:69:THR:OG1	0.49	2.61	12	3
1:A:75:SER:O	1:A:79:ARG:HG3	0.49	2.07	12	4
1:A:124:ALA:O	1:A:125:ARG:C	0.49	2.51	18	20
1:A:70:LYS:C	1:A:71:THR:HG23	0.49	2.28	13	13
1:A:44:ALA:C	1:A:47:ASN:HD22	0.49	2.11	19	2
1:A:109:LYS:O	1:A:112:MET:CG	0.49	2.61	16	2
1:A:114:ASP:O	1:A:114:ASP:OD1	0.49	2.31	14	1
1:A:112:MET:CA	1:A:115:LEU:HD11	0.49	2.37	8	1
1:A:73:PRO:O	1:A:75:SER:OG	0.49	2.29	18	1
1:A:13:PRO:HA	1:A:52:ILE:HD13	0.49	1.84	20	13
1:A:84:LEU:HD23	1:A:96:VAL:CG1	0.49	2.38	7	2
1:A:55:VAL:C	1:A:56:GLU:OE1	0.49	2.51	13	1
1:A:12:LEU:HB3	1:A:41:PHE:CZ	0.48	2.43	6	8
1:A:102:GLU:OE1	1:A:102:GLU:CA	0.48	2.61	14	4
1:A:32:ALA:C	1:A:33:ASN:OD1	0.48	2.51	9	2
1:A:52:ILE:N	1:A:52:ILE:HD12	0.48	2.22	9	1
1:A:57:ILE:HG22	1:A:59:ILE:HG12	0.48	1.85	19	2
1:A:41:PHE:O	1:A:43:ALA:N	0.48	2.46	15	2
1:A:98:ARG:HG2	1:A:98:ARG:HH11	0.48	1.68	14	4
1:A:9:LYS:O	1:A:9:LYS:CG	0.48	2.61	20	4
1:A:15:GLY:C	1:A:17:ALA:N	0.48	2.65	13	2
1:A:8:VAL:O	1:A:56:GLU:CA	0.48	2.61	19	7
1:A:67:PHE:C	1:A:68:VAL:HG23	0.48	2.29	18	7
1:A:106:GLU:CD	1:A:106:GLU:C	0.48	2.71	19	1
1:A:84:LEU:CD2	1:A:96:VAL:CG1	0.48	2.92	13	4
1:A:70:LYS:HD3	1:A:70:LYS:H	0.48	1.67	14	2
1:A:109:LYS:HE2	1:A:120:LEU:HD11	0.48	1.84	2	2
1:A:12:LEU:CD1	1:A:55:VAL:HG21	0.48	2.38	20	2
1:A:125:ARG:HG2	1:A:125:ARG:HH11	0.48	1.69	15	4
1:A:111:LYS:HD3	1:A:127:ILE:HD11	0.48	1.85	10	1
1:A:114:ASP:OD1	1:A:114:ASP:N	0.48	2.46	4	1
1:A:44:ALA:O	1:A:48:MET:HG2	0.48	2.09	6	3
1:A:117:THR:HG23	1:A:122:ALA:HB3	0.48	1.84	20	4
1:A:78:ILE:O	1:A:82:ALA:N	0.48	2.46	11	17

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:LEU:C	1:A:55:VAL:HG22	0.48	2.28	15	11
1:A:11:GLN:HE21	1:A:11:GLN:CA	0.48	2.21	7	2
1:A:134:MET:SD	1:A:136:VAL:HG21	0.47	2.49	18	3
1:A:132:ARG:HH11	1:A:132:ARG:HG2	0.47	1.68	16	3
1:A:21:PRO:C	1:A:23:VAL:H	0.47	2.12	17	5
1:A:78:ILE:HD11	1:A:127:ILE:HG23	0.47	1.86	6	3
1:A:71:THR:HB	1:A:75:SER:OG	0.47	2.08	10	4
1:A:125:ARG:O	1:A:129:GLY:HA3	0.47	2.09	1	19
1:A:75:SER:HB3	1:A:134:MET:SD	0.47	2.50	12	9
1:A:68:VAL:HG11	1:A:70:LYS:HZ1	0.47	1.66	6	1
1:A:30:HIS:CG	1:A:65:PHE:CD1	0.47	3.02	13	1
1:A:71:THR:HB	1:A:79:ARG:HE	0.47	1.69	19	1
1:A:21:PRO:C	1:A:23:VAL:N	0.47	2.68	11	7
1:A:14:ALA:HB2	1:A:53:VAL:HG23	0.47	1.86	11	1
1:A:4:VAL:HA	1:A:60:TYR:CG	0.47	2.45	9	9
1:A:122:ALA:O	1:A:123:ALA:C	0.47	2.53	9	20
1:A:18:THR:HG22	1:A:19:PRO:HD2	0.47	1.86	16	7
1:A:70:LYS:N	1:A:70:LYS:HD2	0.47	2.23	17	2
1:A:102:GLU:O	1:A:102:GLU:OE2	0.47	2.32	11	3
1:A:109:LYS:O	1:A:112:MET:HG3	0.47	2.09	18	2
1:A:31:GLY:N	1:A:63:ARG:HG3	0.47	2.24	17	1
1:A:75:SER:O	1:A:76:TYR:C	0.47	2.53	11	20
1:A:44:ALA:O	1:A:47:ASN:N	0.47	2.48	6	3
1:A:69:THR:C	1:A:70:LYS:HD2	0.47	2.30	19	7
1:A:99:ILE:CD1	1:A:104:VAL:CG1	0.47	2.93	20	1
1:A:103:GLN:O	1:A:107:ILE:HG13	0.47	2.08	12	1
1:A:132:ARG:HG2	1:A:132:ARG:HH11	0.47	1.68	1	4
1:A:99:ILE:HD13	1:A:104:VAL:CG1	0.47	2.38	20	1
1:A:67:PHE:CD1	1:A:67:PHE:C	0.47	2.87	8	5
1:A:77:LEU:HD21	1:A:107:ILE:CG1	0.47	2.40	6	1
1:A:23:VAL:HG13	1:A:26:ALA:CB	0.46	2.40	4	3
1:A:108:ALA:HB2	1:A:127:ILE:HG13	0.46	1.87	19	13
1:A:41:PHE:O	1:A:42:ASN:C	0.46	2.54	1	20
1:A:67:PHE:C	1:A:67:PHE:CD1	0.46	2.88	2	4
1:A:44:ALA:O	1:A:45:THR:C	0.46	2.53	6	3
1:A:41:PHE:CZ	1:A:55:VAL:CG1	0.46	2.98	8	1
1:A:68:VAL:CG1	1:A:70:LYS:HZ3	0.46	2.22	6	1
1:A:11:GLN:CA	1:A:11:GLN:HE21	0.46	2.22	18	1
1:A:71:THR:OG1	1:A:75:SER:HB2	0.46	2.11	18	2
1:A:99:ILE:O	1:A:139:VAL:CG1	0.46	2.64	9	2
1:A:58:THR:N	1:A:66:THR:O	0.46	2.49	17	6

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:45:THR:O	1:A:49:GLY:N	0.46	2.48	9	7
1:A:49:GLY:C	1:A:50:ASP:OD1	0.46	2.53	15	1
1:A:10:LEU:HD13	1:A:23:VAL:HG21	0.46	1.88	2	1
1:A:74:ALA:HA	1:A:76:TYR:CZ	0.46	2.46	11	3
1:A:17:ALA:HB3	1:A:42:ASN:ND2	0.46	2.24	7	2
1:A:10:LEU:C	1:A:55:VAL:CG2	0.46	2.84	15	8
1:A:48:MET:HG2	1:A:49:GLY:H	0.46	1.70	20	3
1:A:71:THR:CB	1:A:79:ARG:NE	0.46	2.78	19	1
1:A:30:HIS:CG	1:A:65:PHE:CE1	0.46	3.04	15	1
1:A:76:TYR:CZ	1:A:77:LEU:CD1	0.46	2.96	6	3
1:A:111:LYS:CD	1:A:127:ILE:HD11	0.46	2.40	10	1
1:A:48:MET:HG3	1:A:49:GLY:H	0.46	1.70	11	4
1:A:130:SER:OG	1:A:131:ALA:N	0.46	2.49	14	3
1:A:11:GLN:N	1:A:11:GLN:CD	0.46	2.70	20	4
1:A:28:GLY:C	1:A:30:HIS:H	0.46	2.13	7	3
1:A:109:LYS:O	1:A:112:MET:N	0.46	2.35	17	3
1:A:57:ILE:HG22	1:A:59:ILE:HG13	0.46	1.88	1	3
1:A:114:ASP:C	1:A:114:ASP:OD1	0.45	2.54	16	1
1:A:112:MET:CE	1:A:118:THR:O	0.45	2.64	18	1
1:A:79:ARG:CZ	1:A:84:LEU:HD11	0.45	2.41	12	1
1:A:109:LYS:O	1:A:110:GLN:C	0.45	2.54	3	12
1:A:114:ASP:OD2	1:A:114:ASP:O	0.45	2.34	11	2
1:A:58:THR:OG1	1:A:66:THR:O	0.45	2.29	15	1
1:A:32:ALA:O	1:A:33:ASN:CG	0.45	2.55	10	2
1:A:99:ILE:CD1	1:A:104:VAL:HG12	0.45	2.39	20	1
1:A:11:GLN:C	1:A:11:GLN:HE21	0.45	2.15	18	2
1:A:51:ALA:HB1	1:A:72:PRO:HD3	0.45	1.89	10	1
1:A:72:PRO:CB	1:A:73:PRO:HD2	0.45	2.42	18	20
1:A:108:ALA:CA	1:A:127:ILE:HG13	0.45	2.42	20	19
1:A:14:ALA:HB1	1:A:45:THR:HB	0.45	1.87	20	5
1:A:77:LEU:HD11	1:A:107:ILE:HD13	0.45	1.87	4	1
1:A:98:ARG:NH1	1:A:98:ARG:HB2	0.45	2.26	12	1
1:A:75:SER:OG	1:A:79:ARG:HD2	0.45	2.11	17	1
1:A:5:VAL:CG2	1:A:59:ILE:O	0.45	2.64	15	1
1:A:9:LYS:HB3	1:A:9:LYS:NZ	0.45	2.26	13	1
1:A:50:ASP:OD1	1:A:50:ASP:C	0.45	2.54	9	3
1:A:4:VAL:HB	1:A:60:TYR:CE2	0.45	2.47	15	1
1:A:73:PRO:O	1:A:74:ALA:C	0.45	2.55	2	2
1:A:75:SER:CB	1:A:134:MET:SD	0.45	3.05	10	2
1:A:11:GLN:NE2	1:A:11:GLN:CA	0.45	2.80	10	2
1:A:101:TRP:O	1:A:105:LEU:HG	0.45	2.12	1	18

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:60:TYR:O	1:A:63:ARG:N	0.45	2.49	12	6
1:A:106:GLU:OE1	1:A:106:GLU:C	0.45	2.55	19	1
1:A:48:MET:SD	1:A:49:GLY:N	0.45	2.89	15	1
1:A:9:LYS:CD	1:A:9:LYS:O	0.45	2.65	10	1
1:A:75:SER:CB	1:A:79:ARG:CD	0.45	2.94	18	1
1:A:38:VAL:HG13	1:A:42:ASN:HD22	0.45	1.71	20	1
1:A:119:ASP:OD1	1:A:122:ALA:CB	0.45	2.65	16	1
1:A:70:LYS:O	1:A:71:THR:O	0.45	2.34	3	2
1:A:13:PRO:C	1:A:15:GLY:H	0.45	2.14	7	2
1:A:137:GLU:CG	1:A:138:VAL:N	0.45	2.80	15	1
1:A:12:LEU:HB3	1:A:41:PHE:CE2	0.45	2.46	2	4
1:A:109:LYS:CG	1:A:120:LEU:HD21	0.45	2.42	16	1
1:A:80:LYS:CB	1:A:80:LYS:NZ	0.45	2.80	4	2
1:A:41:PHE:CE1	1:A:55:VAL:CG1	0.44	3.00	8	1
1:A:30:HIS:O	1:A:63:ARG:HG3	0.44	2.12	4	2
1:A:63:ARG:HH11	1:A:63:ARG:HG2	0.44	1.67	15	1
1:A:130:SER:O	1:A:131:ALA:C	0.44	2.54	2	7
1:A:110:GLN:H	1:A:110:GLN:NE2	0.44	2.11	19	1
1:A:108:ALA:O	1:A:112:MET:CG	0.44	2.66	18	1
1:A:102:GLU:HA	1:A:102:GLU:OE1	0.44	2.12	5	1
1:A:108:ALA:CB	1:A:127:ILE:HG12	0.44	2.43	16	19
1:A:14:ALA:O	1:A:50:ASP:OD1	0.44	2.35	2	1
1:A:98:ARG:NE	1:A:139:VAL:HG23	0.44	2.27	9	1
1:A:69:THR:HG23	1:A:69:THR:O	0.44	2.12	19	4
1:A:16:LYS:NZ	1:A:50:ASP:OD1	0.44	2.50	14	1
1:A:79:ARG:CG	1:A:84:LEU:HD12	0.44	2.42	18	1
1:A:66:THR:O	1:A:67:PHE:CB	0.44	2.65	16	6
1:A:10:LEU:HB3	1:A:55:VAL:CG2	0.44	2.42	4	3
1:A:75:SER:CB	1:A:79:ARG:HG2	0.44	2.43	10	1
1:A:117:THR:C	1:A:118:THR:CG2	0.44	2.86	10	1
1:A:74:ALA:N	1:A:76:TYR:CD2	0.44	2.85	11	1
1:A:79:ARG:NH2	1:A:136:VAL:CG2	0.44	2.80	2	1
1:A:102:GLU:O	1:A:105:LEU:N	0.44	2.51	15	3
1:A:102:GLU:OE2	1:A:106:GLU:HG2	0.44	2.13	13	1
1:A:42:ASN:O	1:A:46:ALA:HB2	0.43	2.12	12	8
1:A:30:HIS:CE1	1:A:65:PHE:CD1	0.43	3.05	5	2
1:A:114:ASP:O	1:A:114:ASP:OD2	0.43	2.36	1	1
1:A:63:ARG:O	1:A:63:ARG:HG2	0.43	2.10	6	2
1:A:9:LYS:CA	1:A:55:VAL:O	0.43	2.66	5	7
1:A:108:ALA:O	1:A:112:MET:SD	0.43	2.76	10	1
1:A:7:VAL:O	1:A:8:VAL:C	0.43	2.55	20	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:13:PRO:HG2	1:A:16:LYS:O	0.43	2.14	20	1
1:A:62:ASP:O	1:A:63:ARG:HB3	0.43	2.13	4	5
1:A:33:ASN:ND2	1:A:36:GLU:HB2	0.43	2.27	8	1
1:A:99:ILE:O	1:A:139:VAL:CB	0.43	2.66	9	1
1:A:109:LYS:O	1:A:111:LYS:N	0.43	2.51	2	4
1:A:13:PRO:CG	1:A:16:LYS:O	0.43	2.67	20	1
1:A:50:ASP:C	1:A:50:ASP:OD1	0.43	2.56	11	1
1:A:28:GLY:O	1:A:32:ALA:CA	0.43	2.66	9	1
1:A:12:LEU:CB	1:A:41:PHE:CZ	0.43	3.02	18	1
1:A:110:GLN:N	1:A:110:GLN:OE1	0.43	2.52	17	1
1:A:99:ILE:HD12	1:A:104:VAL:HG11	0.43	1.90	5	5
1:A:102:GLU:OE1	1:A:102:GLU:HA	0.43	2.14	14	2
1:A:82:ALA:C	1:A:98:ARG:H	0.43	2.16	1	1
1:A:75:SER:HB2	1:A:134:MET:CE	0.43	2.43	10	1
1:A:13:PRO:HB2	1:A:16:LYS:CB	0.43	2.43	13	1
1:A:11:GLN:HA	1:A:53:VAL:O	0.43	2.13	18	1
1:A:53:VAL:HG11	1:A:69:THR:OG1	0.43	2.12	12	1
1:A:41:PHE:C	1:A:43:ALA:N	0.43	2.71	15	1
1:A:79:ARG:HD3	1:A:84:LEU:CD1	0.43	2.43	20	1
1:A:79:ARG:NH1	1:A:84:LEU:HD13	0.43	2.28	9	1
1:A:109:LYS:HD3	1:A:120:LEU:HD21	0.43	1.91	3	1
1:A:79:ARG:NE	1:A:134:MET:SD	0.43	2.92	18	1
1:A:112:MET:SD	1:A:123:ALA:HB2	0.43	2.53	3	1
1:A:9:LYS:O	1:A:9:LYS:CD	0.43	2.67	6	1
1:A:30:HIS:ND1	1:A:65:PHE:CE1	0.43	2.87	10	1
1:A:50:ASP:OD1	1:A:51:ALA:N	0.43	2.52	4	1
1:A:137:GLU:HG2	1:A:138:VAL:N	0.43	2.29	15	1
1:A:15:GLY:O	1:A:50:ASP:OD1	0.43	2.37	2	1
1:A:14:ALA:H	1:A:51:ALA:C	0.43	2.14	4	2
1:A:13:PRO:C	1:A:15:GLY:N	0.43	2.72	7	2
1:A:80:LYS:CB	1:A:80:LYS:HZ3	0.42	2.27	4	1
1:A:47:ASN:C	1:A:47:ASN:ND2	0.42	2.72	15	1
1:A:68:VAL:HG13	1:A:70:LYS:HZ1	0.42	1.74	2	1
1:A:109:LYS:C	1:A:111:LYS:N	0.42	2.72	20	4
1:A:130:SER:O	1:A:133:SER:N	0.42	2.52	20	3
1:A:33:ASN:HD22	1:A:36:GLU:CB	0.42	2.27	8	1
1:A:66:THR:OG1	1:A:66:THR:O	0.42	2.36	7	2
1:A:30:HIS:O	1:A:63:ARG:HG2	0.42	2.12	18	1
1:A:98:ARG:CZ	1:A:98:ARG:HB3	0.42	2.43	12	1
1:A:9:LYS:C	1:A:55:VAL:O	0.42	2.58	5	3
1:A:74:ALA:O	1:A:75:SER:C	0.42	2.57	16	7

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:30:HIS:O	1:A:63:ARG:HB3	0.42	2.14	8	1
1:A:31:GLY:N	1:A:63:ARG:CG	0.42	2.82	17	1
1:A:33:ASN:O	1:A:34:ILE:C	0.42	2.58	12	5
1:A:71:THR:OG1	1:A:75:SER:HB3	0.42	2.15	2	1
1:A:109:LYS:O	1:A:112:MET:HG2	0.42	2.15	3	3
1:A:9:LYS:HA	1:A:55:VAL:O	0.42	2.14	5	2
1:A:57:ILE:CG2	1:A:65:PHE:CB	0.42	2.98	15	1
1:A:84:LEU:HD23	1:A:96:VAL:HA	0.42	1.92	20	1
1:A:76:TYR:HD1	1:A:77:LEU:N	0.42	2.12	11	2
1:A:30:HIS:NE2	1:A:33:ASN:OD1	0.42	2.52	18	1
1:A:134:MET:CG	1:A:134:MET:O	0.42	2.67	12	1
1:A:62:ASP:O	1:A:63:ARG:HB2	0.42	2.14	8	3
1:A:112:MET:H	1:A:113:PRO:HD3	0.42	1.72	12	2
1:A:10:LEU:C	1:A:11:GLN:HE21	0.42	2.18	9	1
1:A:15:GLY:O	1:A:16:LYS:CG	0.42	2.68	15	1
1:A:9:LYS:CB	1:A:9:LYS:HZ3	0.42	2.27	2	1
1:A:49:GLY:O	1:A:50:ASP:C	0.42	2.58	13	2
1:A:111:LYS:O	1:A:112:MET:HB3	0.42	2.15	12	2
1:A:57:ILE:HG13	1:A:67:PHE:CE2	0.42	2.49	8	2
1:A:50:ASP:N	1:A:50:ASP:OD1	0.42	2.52	13	1
1:A:76:TYR:CZ	1:A:77:LEU:HG	0.42	2.49	4	1
1:A:7:VAL:CG2	1:A:56:GLU:HG3	0.42	2.44	18	1
1:A:74:ALA:CA	1:A:76:TYR:CZ	0.42	3.03	18	1
1:A:19:PRO:HA	1:A:34:ILE:HG21	0.42	1.92	5	1
1:A:44:ALA:O	1:A:48:MET:HG3	0.41	2.14	15	1
1:A:23:VAL:HG12	1:A:26:ALA:HB3	0.41	1.90	16	2
1:A:66:THR:O	1:A:66:THR:OG1	0.41	2.37	3	2
1:A:77:LEU:CD1	1:A:78:ILE:N	0.41	2.54	6	1
1:A:79:ARG:O	1:A:82:ALA:N	0.41	2.52	20	1
1:A:115:LEU:HG	1:A:116:ASN:N	0.41	2.30	18	1
1:A:117:THR:HG23	1:A:122:ALA:CB	0.41	2.45	12	1
1:A:17:ALA:HB3	1:A:42:ASN:HD22	0.41	1.75	19	1
1:A:41:PHE:CE1	1:A:55:VAL:HG12	0.41	2.51	8	1
1:A:128:ALA:O	1:A:131:ALA:HB3	0.41	2.16	15	1
1:A:37:PHE:CD1	1:A:37:PHE:O	0.41	2.72	8	2
1:A:11:GLN:O	1:A:12:LEU:CG	0.41	2.68	10	2
1:A:71:THR:OG1	1:A:79:ARG:CD	0.41	2.68	9	1
1:A:114:ASP:O	1:A:115:LEU:C	0.41	2.59	7	4
1:A:14:ALA:CB	1:A:51:ALA:H	0.41	2.14	15	1
1:A:75:SER:HB2	1:A:134:MET:SD	0.41	2.56	14	2
1:A:79:ARG:NH1	1:A:84:LEU:HD11	0.41	2.28	3	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:11:GLN:CA	1:A:11:GLN:NE2	0.41	2.82	18	1
1:A:79:ARG:NH1	1:A:79:ARG:HG2	0.41	2.25	18	1
1:A:27:LEU:C	1:A:29:GLN:N	0.41	2.74	12	1
1:A:52:ILE:HG22	1:A:53:VAL:N	0.41	2.31	15	1
1:A:79:ARG:CZ	1:A:84:LEU:HD12	0.41	2.46	3	1
1:A:56:GLU:O	1:A:58:THR:N	0.41	2.53	13	1
1:A:30:HIS:O	1:A:30:HIS:ND1	0.41	2.54	16	1
1:A:30:HIS:O	1:A:63:ARG:HA	0.41	2.15	14	1
1:A:28:GLY:O	1:A:31:GLY:N	0.41	2.54	18	2
1:A:31:GLY:N	1:A:63:ARG:HD3	0.41	2.29	19	1
1:A:12:LEU:O	1:A:52:ILE:CA	0.41	2.69	15	1
1:A:56:GLU:O	1:A:67:PHE:CB	0.41	2.69	15	1
1:A:84:LEU:HD22	1:A:97:GLY:H	0.41	1.76	20	1
1:A:5:VAL:N	1:A:59:ILE:O	0.41	2.49	7	1
1:A:125:ARG:HB3	1:A:125:ARG:CZ	0.41	2.44	11	1
1:A:79:ARG:HD2	1:A:84:LEU:CD1	0.41	2.45	13	1
1:A:4:VAL:CG2	1:A:5:VAL:N	0.41	2.83	13	1
1:A:77:LEU:CD1	1:A:107:ILE:HD13	0.41	2.46	4	1
1:A:75:SER:HB2	1:A:79:ARG:HE	0.41	1.76	19	1
1:A:57:ILE:CG2	1:A:65:PHE:HB2	0.41	2.46	15	1
1:A:34:ILE:O	1:A:37:PHE:CB	0.41	2.69	2	3
1:A:46:ALA:C	1:A:48:MET:N	0.41	2.74	8	1
1:A:27:LEU:HD23	1:A:27:LEU:HA	0.41	1.74	11	2
1:A:14:ALA:HA	1:A:45:THR:CG2	0.40	2.45	15	1
1:A:83:GLY:C	1:A:96:VAL:CG1	0.40	2.89	15	1
1:A:15:GLY:N	1:A:45:THR:CB	0.40	2.83	20	1
1:A:106:GLU:CA	1:A:106:GLU:OE1	0.40	2.66	6	1
1:A:27:LEU:HA	1:A:27:LEU:HD23	0.40	1.69	10	1
1:A:100:THR:HG22	1:A:139:VAL:HG11	0.40	1.91	1	1
1:A:71:THR:HG21	1:A:79:ARG:CG	0.40	2.45	1	1
1:A:123:ALA:O	1:A:126:MET:CB	0.40	2.68	3	1
1:A:70:LYS:CB	1:A:70:LYS:NZ	0.40	2.84	11	1
1:A:80:LYS:HD2	1:A:81:ALA:N	0.40	2.32	19	1
1:A:79:ARG:HH21	1:A:136:VAL:CG2	0.40	2.29	2	1
1:A:96:VAL:CG1	1:A:97:GLY:H	0.40	2.29	20	1
1:A:74:ALA:CA	1:A:76:TYR:CE2	0.40	3.04	11	1
1:A:25:PRO:O	1:A:26:ALA:C	0.40	2.60	17	1
1:A:77:LEU:C	1:A:77:LEU:CD2	0.40	2.89	15	1
1:A:75:SER:O	1:A:79:ARG:HG2	0.40	2.16	2	1
1:A:81:ALA:CB	1:A:99:ILE:HG22	0.40	2.46	20	1
1:A:71:THR:OG1	1:A:79:ARG:CG	0.40	2.69	3	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:76:TYR:CZ	1:A:77:LEU:HB3	0.40	2.52	13	1
1:A:71:THR:HB	1:A:79:ARG:NE	0.40	2.32	19	1
1:A:99:ILE:H	1:A:99:ILE:HG13	0.40	1.53	14	1
1:A:61:ALA:O	1:A:62:ASP:C	0.40	2.58	10	1
1:A:57:ILE:HG12	1:A:67:PHE:CE1	0.40	2.52	9	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	125/147 (85%)	65±2 (52±1%)	38±2 (30±2%)	22±1 (18±1%)	0	3
All	All	2500/2940 (85%)	1301 (52%)	756 (30%)	443 (18%)	0	3

All 39 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	126	MET	20
1	A	74	ALA	20
1	A	68	VAL	20
1	A	134	MET	20
1	A	72	PRO	20
1	A	62	ASP	20
1	A	24	GLY	20
1	A	118	THR	20
1	A	8	VAL	20
1	A	73	PRO	20
1	A	19	PRO	20
1	A	83	GLY	19
1	A	28	GLY	19
1	A	115	LEU	18
1	A	114	ASP	17
1	A	26	ALA	14
1	A	15	GLY	13

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	31	GLY	13
1	A	67	PHE	13
1	A	117	THR	12
1	A	75	SER	12
1	A	136	VAL	10
1	A	51	ALA	9
1	A	14	ALA	9
1	A	16	LYS	9
1	A	57	ILE	6
1	A	29	GLN	5
1	A	139	VAL	4
1	A	116	ASN	4
1	A	71	THR	3
1	A	63	ARG	2
1	A	58	THR	2
1	A	34	ILE	2
1	A	112	MET	2
1	A	61	ALA	2
1	A	81	ALA	1
1	A	52	ILE	1
1	A	30	HIS	1
1	A	97	GLY	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	95/111 (86%)	71±3 (74±3%)	24±3 (26±3%)	3	25
All	All	1900/2220 (86%)	1414 (74%)	486 (26%)	3	25

All 58 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	THR	20
1	A	120	LEU	20
1	A	48	MET	20

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	12	LEU	20
1	A	100	THR	20
1	A	118	THR	20
1	A	27	LEU	20
1	A	11	GLN	20
1	A	99	ILE	20
1	A	58	THR	19
1	A	37	PHE	19
1	A	67	PHE	19
1	A	77	LEU	18
1	A	112	MET	15
1	A	69	THR	13
1	A	125	ARG	12
1	A	70	LYS	12
1	A	132	ARG	11
1	A	10	LEU	11
1	A	103	GLN	9
1	A	9	LYS	9
1	A	64	SER	9
1	A	65	PHE	8
1	A	35	MET	8
1	A	119	ASP	8
1	A	98	ARG	8
1	A	30	HIS	7
1	A	60	TYR	6
1	A	114	ASP	6
1	A	80	LYS	6
1	A	63	ARG	5
1	A	47	ASN	5
1	A	75	SER	5
1	A	79	ARG	4
1	A	41	PHE	4
1	A	33	ASN	4
1	A	66	THR	4
1	A	111	LYS	3
1	A	39	LYS	3
1	A	50	ASP	3
1	A	106	GLU	3
1	A	71	THR	3
1	A	16	LYS	3
1	A	115	LEU	3
1	A	109	LYS	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	62	ASP	2
1	A	29	GLN	2
1	A	116	ASN	2
1	A	137	GLU	2
1	A	134	MET	2
1	A	76	TYR	2
1	A	113	PRO	1
1	A	52	ILE	1
1	A	84	LEU	1
1	A	78	ILE	1
1	A	42	ASN	1
1	A	110	GLN	1
1	A	56	GLU	1

### 6.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

### 6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

### 6.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

### 6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

### 6.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

## 7 Chemical shift validation

The completeness of assignment taking into account all chemical shift lists is 44% for the well-defined parts and 42% for the entire structure.

### 7.1 Chemical shift list 1

File name: BMRB entry 7314

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	892
Number of shifts mapped to atoms	892
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Number of shift outliers (ShiftChecker)	0

#### 7.1.2 Chemical shift referencing

The following table shows the suggested chemical shift referencing corrections.

Nucleus	# values	Correction $\pm$ precision, ppm	Suggested action
$^{13}\text{C}_\alpha$	145	$-0.27 \pm 0.07$	None needed ( $< 0.5$ ppm)
$^{13}\text{C}_\beta$	118	$0.56 \pm 0.09$	Should be applied
$^{13}\text{C}'$	0	—	—
$^{15}\text{N}$	135	$1.10 \pm 0.23$	Should be applied

#### 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 44%, i.e. 641 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1448. 9 out of 22 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	$^1\text{H}$	$^{13}\text{C}$	$^{15}\text{N}$
Backbone	356/607 (59%)	117/241 (49%)	123/250 (49%)	116/116 (100%)
Sidechain	249/770 (32%)	89/447 (20%)	160/293 (55%)	0/30 (0%)

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

	Total	<sup>1</sup> H	<sup>13</sup> C	<sup>15</sup> N
Aromatic	36/71 (51%)	20/38 (53%)	15/31 (48%)	1/2 (50%)
Overall	641/1448 (44%)	226/726 (31%)	298/574 (52%)	117/148 (79%)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the full structure. The overall completeness is 42%, i.e. 728 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1723. 9 out of 23 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	<sup>1</sup> H	<sup>13</sup> C	<sup>15</sup> N
Backbone	416/713 (58%)	136/283 (48%)	145/294 (49%)	135/136 (99%)
Sidechain	272/932 (29%)	95/545 (17%)	177/348 (51%)	0/39 (0%)
Aromatic	40/78 (51%)	22/42 (52%)	17/33 (52%)	1/3 (33%)
Overall	728/1723 (42%)	253/870 (29%)	339/675 (50%)	136/178 (76%)

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

There are no statistically unusual chemical shifts.

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

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

Random coil index (RCI) for chain A:

