



# Full wwPDB/EMDatabank EM Map/Model Validation Report ⓘ

Jan 17, 2017 – 02:20 PM EST

PDB ID : 5H53  
EMDB ID: : EMD-6664  
Title : The structure of rabbit skeletal muscle actomyosin rigor complex at 5.2 angstrom.  
Authors : Fujii, T.; Namba, K.  
Deposited on : 2016-11-04  
Resolution : 5.20 Å(reported)

This is a Full wwPDB/EMDatabank EM Map/Model Validation Report  
for a publicly released PDB/EMDB 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/EMValidationReportHelp>  
with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

---

MolProbity : 4.02b-467  
Mogul : 1.7.1 (RC1), CSD as537be (2016)  
Percentile statistics : 20151230.v01 (using entries in the PDB archive December 30th 2015)  
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)  
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et. al. (1996)  
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : rb-20028442

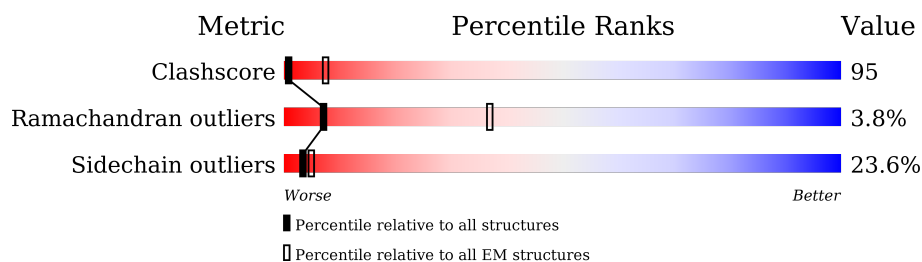
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

*ELECTRON MICROSCOPY*

The reported resolution of this entry is 5.20 Å.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	EM structures (#Entries)
Clashscore	114402	924
Ramachandran outliers	111179	726
Sidechain outliers	111093	686

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains. The red, orange, yellow and green segments on the bar indicate the fraction of residues that contain outliers for  $\geq 3$ , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria. 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	845	
2	B	146	
3	C	153	
4	D	375	
4	E	375	

## 2 Entry composition

There are 5 unique types of molecules in this entry. The entry contains 15077 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

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

- Molecule 1 is a protein called Skeletal muscle myosin heavy chain MyHC-EO/IIL.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
1	A	845	Total	C	N	O	S	0	0
			6795	4340	1155	1256	44		

- Molecule 2 is a protein called Myosin regulatory light chain 2, skeletal muscle isoform type 1.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
2	B	146	Total	C	N	O	S	0	0
			1157	729	189	232	7		

- Molecule 3 is a protein called Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
3	C	153	Total	C	N	O	S	0	0
			1203	751	199	246	7		

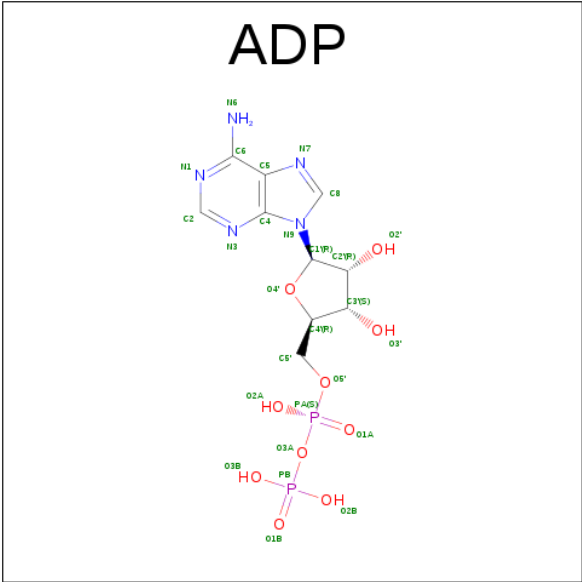
There is a discrepancy between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
C	193	ASP	-	expression tag	UNP P02602

- Molecule 4 is a protein called Actin, alpha skeletal muscle.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
4	D	375	Total	C	N	O	S	0	0
			2934	1855	493	565	21		
4	E	375	Total	C	N	O	S	0	0
			2934	1855	493	565	21		

- Molecule 5 is ADENOSINE-5'-DIPHOSPHATE (three-letter code: ADP) (formula: C<sub>10</sub>H<sub>15</sub>N<sub>5</sub>O<sub>10</sub>P<sub>2</sub>).

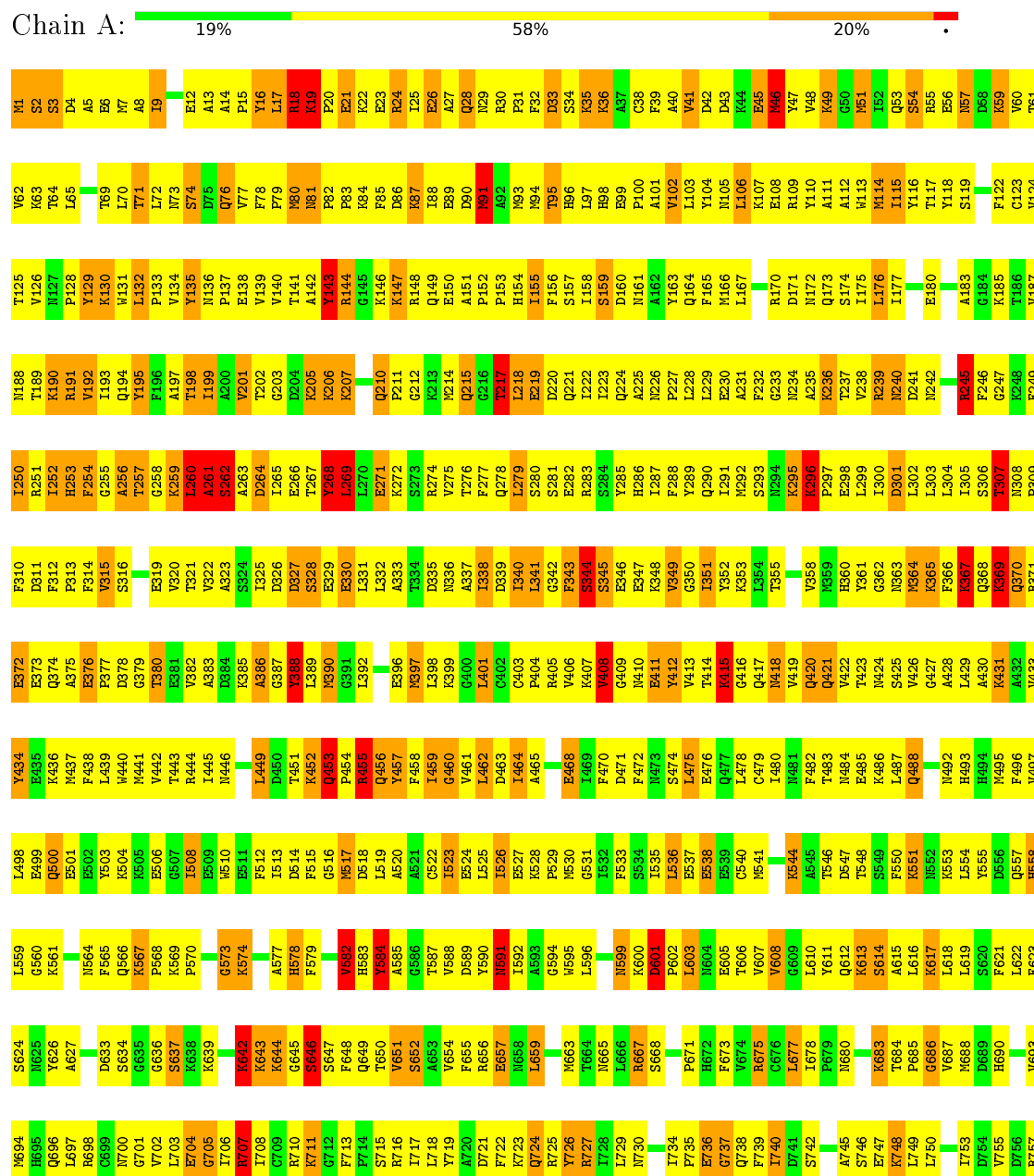


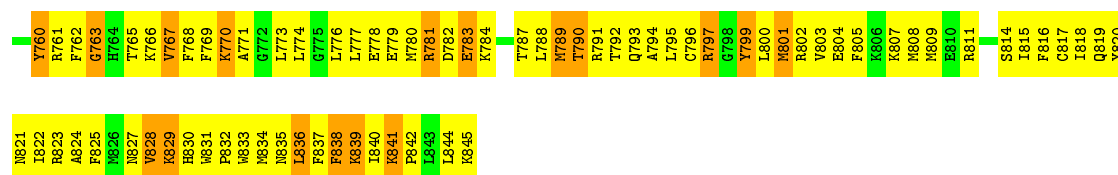
Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf
5	D	1	Total	C	N	O	P	0
			27	10	5	10	2	
5	E	1	Total	C	N	O	P	0
			27	10	5	10	2	

### 3 Residue-property plots

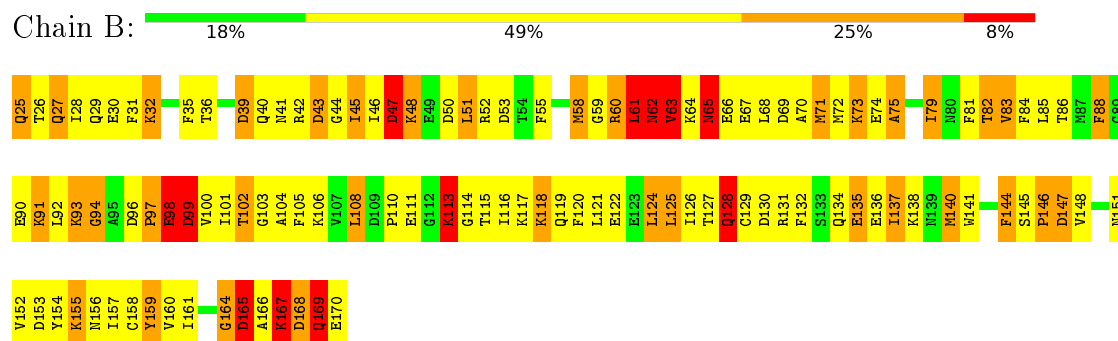
These plots are drawn for all protein, RNA and DNA chains in the entry. The first graphic for a chain summarises the proportions of errors displayed in the second graphic. The second graphic shows the sequence view annotated by issues in geometry. Residues are color-coded according to the number of geometric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

- Molecule 1: Skeletal muscle myosin heavy chain MyHC-EO/IIL

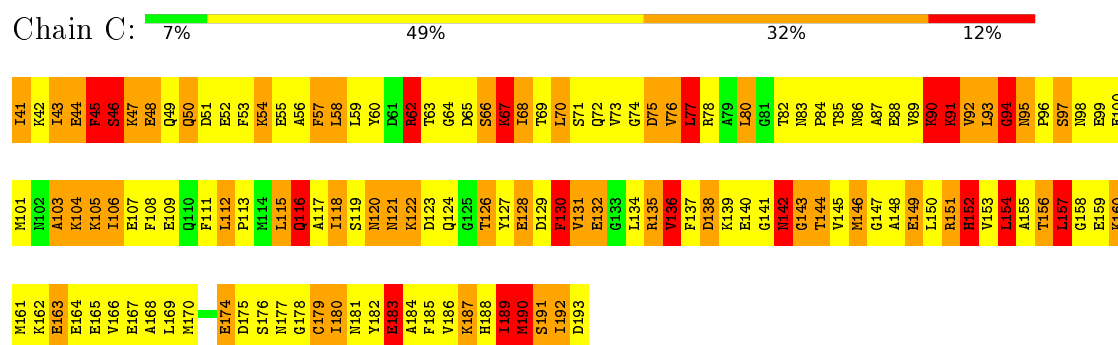




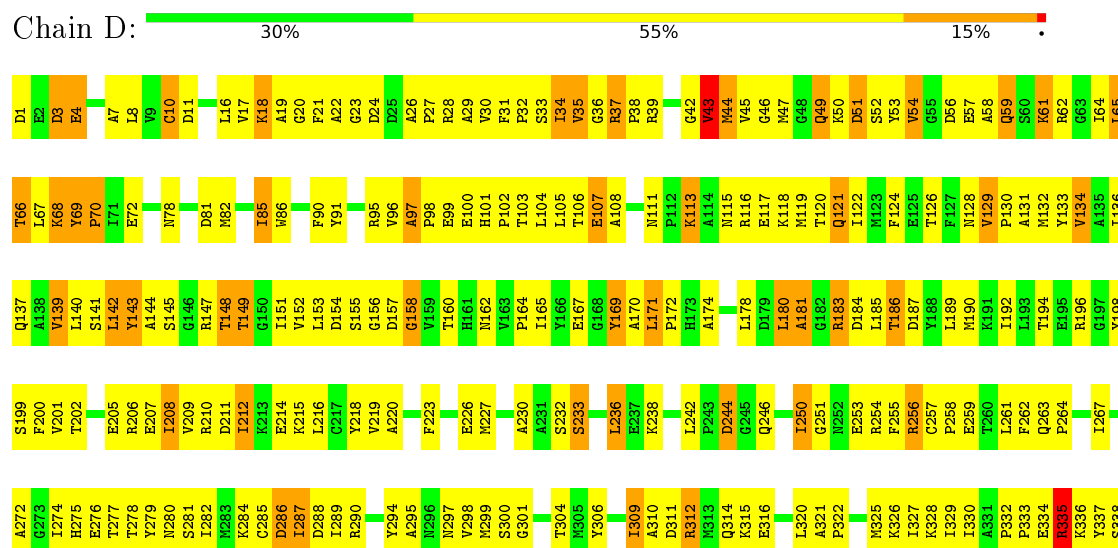
- Molecule 2: Myosin regulatory light chain 2, skeletal muscle isoform type 1



- Molecule 3: Myosin light chain 1/3, skeletal muscle isoform



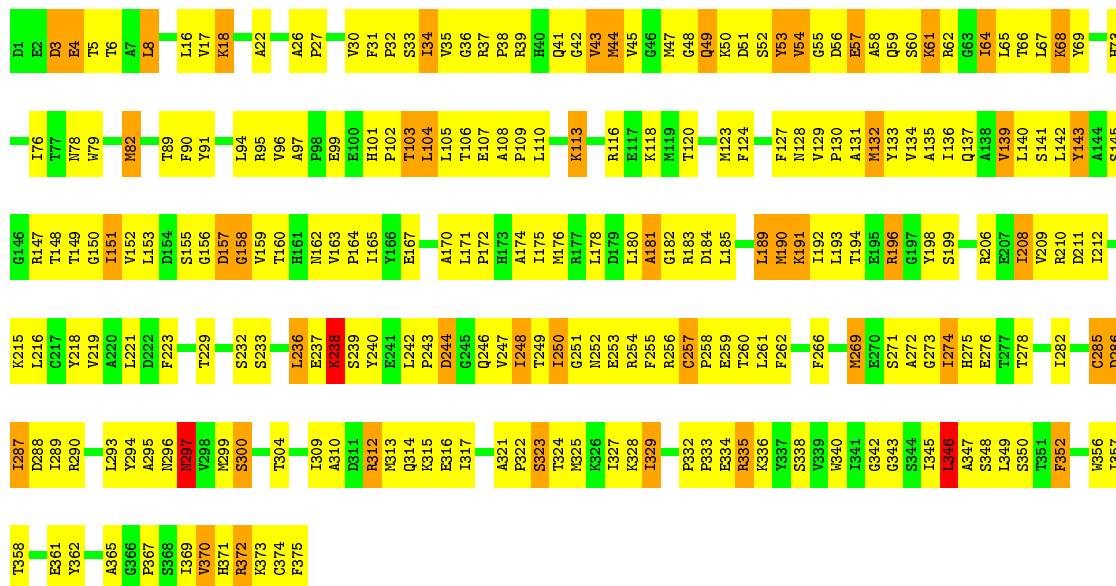
- Molecule 4: Actin, alpha skeletal muscle





• Molecule 4: Actin, alpha skeletal muscle

Chain E: 35% 51% 13%



## 4 Experimental information

Property	Value	Source
Reconstruction method	HELICAL	Depositor
Imposed symmetry	POINT, Not provided	Depositor
Number of segments used	31535	Depositor
Resolution determination method	FSC 0.143 CUT-OFF	Depositor
CTF correction method	Not provided	Depositor
Microscope	JEOL 3200FSC	Depositor
Voltage (kV)	200	Depositor
Electron dose ( $e^-/\text{\AA}^2$ )	Not provided	Depositor
Minimum defocus (nm)	Not provided	Depositor
Maximum defocus (nm)	Not provided	Depositor
Magnification	Not provided	Depositor
Image detector	Not provided	Depositor



## 5 Model quality

### 5.1 Standard geometry

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

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	$\# Z  > 2$	RMSZ	$\# Z  > 2$
1	A	1.03	3/6941 (0.0%)	1.45	52/9343 (0.6%)
2	B	0.96	1/1175 (0.1%)	1.78	8/1578 (0.5%)
3	C	1.02	1/1218 (0.1%)	1.33	4/1632 (0.2%)
4	D	1.02	5/2984 (0.2%)	1.15	4/4040 (0.1%)
4	E	0.97	0/2984	1.14	6/4040 (0.1%)
All	All	1.01	10/15302 (0.1%)	1.36	74/20633 (0.4%)

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

Mol	Chain	#Chirality outliers	#Planarity outliers
1	A	0	31
2	B	0	18
3	C	0	22
4	D	0	2
4	E	0	2
All	All	0	75

All (10) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	538	GLU	CD-OE2	11.79	1.38	1.25
1	A	538	GLU	CG-CD	-10.73	1.35	1.51
4	D	212	ILE	C-N	8.81	1.54	1.34
1	A	538	GLU	CB-CG	7.55	1.66	1.52
3	C	183	GLU	CB-CG	6.51	1.64	1.52
4	D	351	THR	CB-CG2	6.17	1.72	1.52
4	D	70	PRO	C-N	-5.80	1.20	1.34
4	D	339	VAL	C-N	5.72	1.47	1.34

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
4	D	214	GLU	C-N	5.70	1.47	1.34
2	B	99	ASP	CB-CG	5.07	1.62	1.51

All (74) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
2	B	99	ASP	CB-CG-OD1	-40.40	81.94	118.30
2	B	99	ASP	CB-CG-OD2	-25.09	95.72	118.30
1	A	180	GLU	CG-CD-OE1	-23.88	70.54	118.30
1	A	747	GLU	CG-CD-OE1	-23.65	71.00	118.30
1	A	747	GLU	CG-CD-OE2	-23.28	71.74	118.30
1	A	180	GLU	CG-CD-OE2	-23.07	72.15	118.30
1	A	538	GLU	CG-CD-OE1	-16.37	85.56	118.30
1	A	747	GLU	OE1-CD-OE2	16.18	142.72	123.30
1	A	180	GLU	OE1-CD-OE2	16.14	142.67	123.30
1	A	538	GLU	OE1-CD-OE2	15.52	141.93	123.30
1	A	261	ALA	CB-CA-C	-14.74	87.98	110.10
1	A	261	ALA	N-CA-CB	13.44	128.92	110.10
1	A	388	TYR	CB-CG-CD2	11.45	127.87	121.00
1	A	582	VAL	CA-CB-CG1	-11.23	94.05	110.90
1	A	129	TYR	CA-CB-CG	-8.35	97.53	113.40
1	A	16	TYR	CA-CB-CG	-8.22	97.78	113.40
1	A	260	LEU	C-N-CA	-8.12	101.40	121.70
1	A	218	LEU	C-N-CA	8.08	141.90	121.70
1	A	81	ASN	CA-CB-CG	-7.86	96.11	113.40
1	A	143	TYR	CA-CB-CG	-7.85	98.48	113.40
1	A	726	TYR	CA-CB-CG	-7.62	98.93	113.40
4	E	190	MET	CG-SD-CE	-7.56	88.10	100.20
4	D	351	THR	OG1-CB-CG2	7.55	127.37	110.00
1	A	195	TYR	CA-CB-CG	-7.49	99.16	113.40
1	A	434	TYR	CA-CB-CG	-7.43	99.27	113.40
1	A	135	TYR	CA-CB-CG	-7.41	99.33	113.40
1	A	455	ARG	CA-CB-CG	7.30	129.47	113.40
3	C	183	GLU	OE1-CD-OE2	7.27	132.03	123.30
1	A	114	MET	CG-SD-CE	-7.03	88.95	100.20
1	A	388	TYR	CB-CG-CD1	-6.96	116.82	121.00
1	A	254	PHE	CB-CA-C	-6.94	96.52	110.40
2	B	79	ILE	C-N-CA	6.86	138.86	121.70
2	B	167	LYS	C-N-CA	6.48	137.89	121.70
1	A	386	ALA	CB-CA-C	-6.43	100.45	110.10
1	A	268	TYR	CB-CG-CD1	6.42	124.86	121.00
1	A	16	TYR	CB-CG-CD2	6.19	124.72	121.00

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	838	PHE	CA-CB-CG	-6.16	99.11	113.90
2	B	98	GLU	C-N-CA	6.09	136.94	121.70
1	A	578	HIS	CA-CB-CG	-6.05	103.32	113.60
1	A	262	SER	N-CA-CB	6.04	119.57	110.50
1	A	155	ILE	CB-CA-C	-6.01	99.57	111.60
1	A	455	ARG	CD-NE-CZ	-5.99	115.21	123.60
4	D	351	THR	N-CA-CB	5.94	121.58	110.30
4	E	352	PHE	CA-CB-CG	-5.93	99.66	113.90
1	A	91	MET	CG-SD-CE	-5.93	90.71	100.20
2	B	146	PRO	C-N-CA	-5.90	106.94	121.70
1	A	591	ASN	C-N-CA	5.88	136.40	121.70
1	A	558	HIS	CA-CB-CG	-5.74	103.84	113.60
2	B	114	GLY	C-N-CA	5.69	135.92	121.70
4	D	335	ARG	O-C-N	-5.67	113.62	122.70
1	A	538	GLU	CB-CG-CD	-5.67	98.89	114.20
1	A	16	TYR	CB-CG-CD1	-5.64	117.62	121.00
3	C	130	PHE	CB-CG-CD1	5.63	124.74	120.80
1	A	218	LEU	CB-CA-C	-5.58	99.60	110.20
1	A	218	LEU	N-CA-C	-5.49	96.17	111.00
1	A	388	TYR	CA-CB-CG	5.47	123.79	113.40
4	E	346	LEU	CB-CA-C	5.42	120.50	110.20
4	E	91	TYR	CA-CB-CG	-5.34	103.26	113.40
4	D	169	TYR	CB-CG-CD2	-5.29	117.82	121.00
2	B	61	LEU	CA-CB-CG	5.29	127.46	115.30
3	C	183	GLU	CB-CG-CD	-5.29	99.92	114.20
1	A	268	TYR	CB-CG-CD2	-5.28	117.83	121.00
1	A	18	ARG	NE-CZ-NH2	-5.24	117.68	120.30
1	A	252	ILE	C-N-CA	-5.17	108.78	121.70
1	A	799	TYR	CA-CB-CG	-5.14	103.64	113.40
1	A	268	TYR	O-C-N	5.13	130.91	122.70
3	C	152	HIS	CB-CA-C	-5.13	100.14	110.40
1	A	657	GLU	CB-CG-CD	-5.12	100.38	114.20
1	A	633	ASP	CA-CB-CG	-5.08	102.23	113.40
4	E	127	PHE	CA-CB-CG	-5.05	101.79	113.90
1	A	80	MET	CG-SD-CE	-5.03	92.15	100.20
1	A	760	TYR	CA-CB-CG	-5.02	103.86	113.40
1	A	245	ARG	C-N-CA	-5.00	109.19	121.70
4	E	53	TYR	CA-CB-CG	-5.00	103.89	113.40

There are no chirality outliers.

All (75) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	143	TYR	Peptide
1	A	18	ARG	Peptide
1	A	203	GLY	Peptide
1	A	217	THR	Peptide
1	A	239	ARG	Peptide
1	A	256	ALA	Peptide
1	A	261	ALA	Mainchain
1	A	268	TYR	Peptide
1	A	296	LYS	Peptide
1	A	343	PHE	Peptide
1	A	349	VAL	Peptide
1	A	367	LYS	Peptide
1	A	371	ARG	Peptide
1	A	379	GLY	Peptide
1	A	415	LYS	Peptide
1	A	421	GLN	Peptide
1	A	455	ARG	Sidechain
1	A	460	GLY	Peptide
1	A	538	GLU	Sidechain
1	A	573	GLY	Peptide
1	A	584	TYR	Peptide
1	A	594	GLY	Peptide
1	A	599	ASN	Peptide
1	A	667	ARG	Sidechain
1	A	686	GLY	Peptide
1	A	704	GLU	Peptide
1	A	707	ARG	Sidechain
1	A	736	GLU	Peptide
1	A	737	GLY	Peptide
1	A	763	GLY	Peptide
1	A	771	ALA	Peptide
2	B	102	THR	Peptide
2	B	113	LYS	Peptide
2	B	125	LEU	Peptide
2	B	128	GLN	Peptide
2	B	144	PHE	Peptide
2	B	147	ASP	Peptide
2	B	164	GLY	Peptide
2	B	169	GLN	Peptide
2	B	43	ASP	Peptide
2	B	47	ASP	Peptide
2	B	61	LEU	Peptide
2	B	63	VAL	Peptide

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Group
2	B	65	ASN	Peptide
2	B	88	PHE	Peptide
2	B	94	GLY	Peptide
2	B	97	PRO	Peptide
2	B	99	ASP	Sidechain,Peptide
3	C	103	ALA	Peptide
3	C	116	GLN	Peptide
3	C	118	ILE	Peptide
3	C	121	ASN	Peptide
3	C	142	ASN	Peptide
3	C	143	GLY	Peptide
3	C	146	MET	Peptide
3	C	154	LEU	Peptide
3	C	168	ALA	Peptide
3	C	175	ASP	Peptide
3	C	189	ILE	Peptide
3	C	190	MET	Peptide
3	C	191	SER	Peptide
3	C	44	GLU	Peptide
3	C	45	PHE	Peptide
3	C	62	ARG	Sidechain,Peptide
3	C	66	SER	Peptide
3	C	77	LEU	Peptide
3	C	91	LYS	Peptide
3	C	93	LEU	Peptide
3	C	94	GLY	Peptide
4	D	201	VAL	Peptide
4	D	341	ILE	Peptide
4	E	297	ASN	Peptide
4	E	64	ILE	Peptide

## 5.2 Too-close contacts ⓘ

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in the chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogen atoms added and optimized by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes within the asymmetric unit, whereas Symm-Clashes lists symmetry related clashes.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	A	6795	0	6785	1589	0
2	B	1157	0	1127	222	0
3	C	1203	0	1176	410	0

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
4	D	2934	0	2894	381	0
4	E	2934	0	2895	382	0
5	D	27	0	12	7	0
5	E	27	0	12	4	0
All	All	15077	0	14901	2860	0

The all-atom clashscore is defined as the number of clashes found per 1000 atoms (including hydrogen atoms). The all-atom clashscore for this structure is 95.

All (2860) close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:B:79:ILE:HG13	2:B:83:VAL:HG13	1.20	1.19
4:E:361:GLU:HB3	4:E:369:ILE:HD13	1.25	1.19
1:A:390:MET:HB3	1:A:392:LEU:HD23	1.19	1.18
1:A:800:LEU:HG	3:C:162:LYS:HE2	1.19	1.17
4:D:142:LEU:HD21	4:D:165:ILE:HD13	1.17	1.17
1:A:833:TRP:HA	1:A:836:LEU:HD12	1.20	1.16
1:A:17:LEU:HB3	1:A:152:PRO:HG2	1.17	1.15
1:A:193:ILE:HG21	1:A:219:GLU:HB3	1.15	1.15
2:B:116:ILE:HG21	2:B:121:LEU:HD12	1.31	1.13
3:C:191:SER:HA	3:C:192:ILE:HG22	1.17	1.12
2:B:108:LEU:HD22	2:B:116:ILE:HD13	1.20	1.12
1:A:729:LEU:HD21	1:A:781:ARG:HB3	1.30	1.12
1:A:390:MET:HG2	1:A:618:LEU:HD22	1.12	1.12
1:A:115:ILE:HG22	1:A:126:VAL:HG23	1.13	1.11
4:D:154:ASP:HA	4:D:300:SER:HB3	1.30	1.11
1:A:207:LYS:HD2	1:A:454:PRO:HD2	1.13	1.10
1:A:32:PHE:HB3	1:A:83:PRO:HG3	1.34	1.10
1:A:360:HIS:HB3	1:A:382:VAL:HG13	1.29	1.09
3:C:68:ILE:HD12	3:C:95:ASN:HB2	1.32	1.09
4:D:212:ILE:HG23	4:D:216:LEU:HD12	1.35	1.09
4:E:76:ILE:HG21	4:E:82:MET:HG2	1.21	1.09
4:D:185:LEU:HD11	4:D:261:LEU:HD21	1.18	1.08
4:D:251:GLY:HA2	4:D:254:ARG:HG3	1.32	1.08
1:A:611:TYR:HB3	1:A:622:LEU:HD13	1.09	1.08
3:C:42:LYS:HA	3:C:43:ILE:HB	1.30	1.08
1:A:530:MET:HE1	4:D:351:THR:HA	1.30	1.08
1:A:295:LYS:HZ2	1:A:332:LEU:HA	1.18	1.07
1:A:296:LYS:HE2	1:A:299:LEU:HB2	1.33	1.07
1:A:173:GLN:HB2	1:A:459:ILE:HG23	1.23	1.07

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:520:ALA:HA	1:A:523:ILE:HD11	1.31	1.07
2:B:79:ILE:HD11	2:B:84:PHE:HA	1.30	1.07
4:E:37:ARG:HG2	4:E:38:PRO:HD2	1.30	1.06
1:A:255:GLY:HA2	1:A:456:GLN:H	1.18	1.06
4:E:102:PRO:HB3	4:E:131:ALA:HB3	1.34	1.05
1:A:524:GLU:HG3	1:A:528:LYS:HD3	1.37	1.05
1:A:644:LYS:HD3	1:A:649:GLN:HG3	1.37	1.05
4:E:135:ALA:HB1	4:E:140:LEU:HD21	1.38	1.05
1:A:175:ILE:HD11	1:A:461:VAL:HG22	1.37	1.05
2:B:58:MET:HG3	2:B:60:ARG:H	1.15	1.04
3:C:92:VAL:HG11	3:C:100:GLU:HB2	1.06	1.04
1:A:564:ASN:HA	1:A:582:VAL:HG11	1.35	1.04
1:A:338:ILE:HG21	1:A:348:LYS:HD2	1.36	1.04
1:A:1:MET:O	1:A:2:SER:O	1.76	1.03
4:E:300:SER:HA	4:E:335:ARG:HG3	1.37	1.03
1:A:569:LYS:HG2	1:A:570:PRO:HD2	1.33	1.02
1:A:46:MET:HB2	1:A:690:HIS:HB2	1.38	1.02
1:A:207:LYS:HE2	1:A:453:GLN:HB3	1.41	1.02
4:D:142:LEU:HD11	4:D:165:ILE:HD11	1.41	1.02
1:A:708:ILE:HA	1:A:711:LYS:HE2	1.40	1.01
1:A:97:LEU:HD13	1:A:706:ILE:HG23	1.41	1.01
1:A:736:GLU:HA	1:A:740:ILE:HD11	1.41	1.01
4:E:61:LYS:HB3	4:E:65:LEU:HD23	1.41	1.01
4:E:120:THR:HB	4:E:367:PRO:HB3	1.40	1.00
4:E:151:ILE:HG23	4:E:297:ASN:HB3	1.40	1.00
4:D:34:ILE:HG22	4:D:68:LYS:H	1.23	1.00
3:C:54:LYS:HE3	3:C:54:LYS:HA	1.43	1.00
3:C:150:LEU:HD22	3:C:154:LEU:HD23	1.44	0.99
3:C:92:VAL:HG21	3:C:100:GLU:HG3	1.42	0.99
4:E:116:ARG:HH11	4:E:371:HIS:HA	1.25	0.99
3:C:86:ASN:HB3	3:C:91:LYS:HD3	1.43	0.98
1:A:130:LYS:HD3	1:A:132:LEU:HD11	1.45	0.98
4:D:357:ILE:HG12	4:D:370:VAL:HG23	1.45	0.97
1:A:9:ILE:HG22	1:A:20:PRO:HA	1.43	0.97
2:B:65:ASN:HB2	2:B:66:GLU:HG2	1.45	0.97
2:B:83:VAL:HA	2:B:86:THR:HG22	1.44	0.97
1:A:831:TRP:HE3	1:A:834:MET:HG2	1.28	0.96
1:A:103:LEU:HD22	1:A:690:HIS:HD2	1.28	0.96
1:A:272:LYS:HD3	1:A:431:LYS:HB3	1.45	0.96
1:A:314:PHE:CZ	1:A:362:GLY:HA2	2.01	0.96
1:A:292:MET:HE3	1:A:309:PRO:HB3	1.47	0.96

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:104:LEU:HB2	4:D:356:TRP:CH2	2.01	0.96
4:D:120:THR:HB	4:D:367:PRO:HB3	1.46	0.96
4:E:34:ILE:HB	4:E:54:VAL:HG11	1.44	0.96
1:A:94:MET:HE1	1:A:101:ALA:HB1	1.46	0.96
1:A:390:MET:HB3	1:A:392:LEU:CD2	1.95	0.96
1:A:811:ARG:HG2	1:A:815:ILE:HD11	1.45	0.95
1:A:358:VAL:HG22	1:A:430:ALA:HA	1.48	0.95
1:A:296:LYS:HD2	1:A:331:LEU:HD11	1.46	0.95
1:A:225:ALA:HA	1:A:341:LEU:HD23	1.47	0.95
1:A:418:ASN:H	1:A:421:GLN:HG2	1.26	0.95
1:A:817:CYS:HA	1:A:820:TYR:CE2	2.02	0.95
4:D:272:ALA:HB1	4:D:276:GLU:HG3	1.49	0.95
4:D:35:VAL:HG12	4:D:68:LYS:HB2	1.48	0.95
4:E:198:TYR:CZ	4:E:248:ILE:HG22	2.01	0.94
2:B:120:PHE:HE2	2:B:124:LEU:HD23	1.31	0.94
1:A:801:MET:HE3	3:C:57:PHE:HZ	1.31	0.94
1:A:799:TYR:CD1	3:C:166:VAL:HG12	2.03	0.94
1:A:128:PRO:HB2	1:A:132:LEU:HD21	1.49	0.93
4:D:153:LEU:HD21	4:D:274:ILE:HD12	1.49	0.93
4:E:140:LEU:HD13	4:E:343:GLY:CA	1.98	0.93
2:B:52:ARG:HD2	2:B:64:LYS:HG3	1.50	0.93
3:C:70:LEU:HG	3:C:91:LYS:HD2	1.47	0.93
1:A:107:LYS:CB	1:A:688:MET:HG3	1.98	0.93
1:A:247:GLY:N	1:A:269:LEU:HD11	1.84	0.93
1:A:97:LEU:HD13	1:A:706:ILE:CG2	1.97	0.93
2:B:120:PHE:CE2	2:B:124:LEU:HD23	2.02	0.93
3:C:67:LYS:HE3	3:C:101:MET:HB3	1.51	0.92
1:A:603:LEU:HG	1:A:648:PHE:CD1	2.04	0.92
4:D:39:ARG:HE	4:D:66:THR:HA	1.31	0.92
3:C:70:LEU:CG	3:C:91:LYS:HD2	2.00	0.92
4:D:297:ASN:HB2	4:D:329:ILE:HD13	1.49	0.92
4:D:37:ARG:HG2	4:D:38:PRO:HD2	1.51	0.92
4:E:34:ILE:HD12	4:E:67:LEU:HD13	1.51	0.92
3:C:42:LYS:HD2	3:C:47:LYS:CA	2.00	0.92
2:B:108:LEU:HD11	2:B:124:LEU:HD21	1.51	0.92
4:D:299:MET:HE2	4:D:304:THR:HB	1.49	0.92
2:B:51:LEU:HB3	2:B:68:LEU:HD11	1.52	0.91
1:A:390:MET:CG	1:A:618:LEU:HD22	2.00	0.91
4:D:189:LEU:HD23	4:D:209:VAL:HG13	1.48	0.91
1:A:475:LEU:HD13	1:A:595:TRP:CZ3	2.05	0.91
1:A:102:VAL:HG21	1:A:694:MET:HE1	1.51	0.91

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:163:TYR:CD2	1:A:199:ILE:HG21	2.06	0.91
4:E:300:SER:HA	4:E:335:ARG:CG	2.00	0.91
2:B:35:PHE:HD1	2:B:46:ILE:HD13	1.36	0.91
1:A:115:ILE:HG21	1:A:128:PRO:HD3	1.53	0.91
4:D:133:TYR:CZ	4:D:375:PHE:HB2	2.06	0.91
1:A:272:LYS:HB3	1:A:431:LYS:CG	2.00	0.90
1:A:272:LYS:HB3	1:A:431:LYS:HD2	1.54	0.90
1:A:51:MET:SD	1:A:63:LYS:HE3	2.12	0.90
1:A:825:PHE:CZ	1:A:829:LYS:HB3	2.06	0.90
1:A:377:PRO:HG2	1:A:398:LEU:HD22	1.53	0.90
3:C:159:GLU:HG2	3:C:162:LYS:HD3	1.53	0.90
4:D:185:LEU:HD11	4:D:261:LEU:CD2	2.00	0.90
1:A:618:LEU:HG	1:A:622:LEU:HD12	1.53	0.90
1:A:740:ILE:CG2	1:A:745:ALA:HB2	2.01	0.90
1:A:524:GLU:CG	1:A:528:LYS:HD3	2.02	0.90
1:A:236:LYS:HG2	1:A:241:ASP:HA	1.54	0.90
4:D:34:ILE:HG21	4:D:67:LEU:HB3	1.52	0.90
4:E:236:LEU:HD13	4:E:251:GLY:CA	2.02	0.90
1:A:14:ALA:HB3	1:A:15:PRO:HD3	1.53	0.90
1:A:578:HIS:CD2	1:A:592:ILE:HG12	2.06	0.90
1:A:232:PHE:CD2	1:A:287:ILE:HG12	2.07	0.89
4:D:35:VAL:HA	4:D:54:VAL:HG21	1.55	0.89
1:A:719:TYR:CE1	1:A:767:VAL:HB	2.07	0.89
4:D:287:ILE:HB	4:E:244:ASP:HB3	1.51	0.89
1:A:729:LEU:HD21	1:A:781:ARG:CB	2.03	0.89
3:C:92:VAL:HG11	3:C:100:GLU:CB	2.00	0.89
3:C:123:ASP:HB3	3:C:126:THR:CG2	2.03	0.89
3:C:180:ILE:HD12	3:C:181:ASN:H	1.38	0.89
3:C:45:PHE:N	3:C:46:SER:HB2	1.88	0.89
4:E:35:VAL:HG22	4:E:52:SER:HB2	1.53	0.89
1:A:193:ILE:HG21	1:A:219:GLU:CB	2.02	0.89
1:A:205:LYS:CG	1:A:257:THR:HG21	2.03	0.89
2:B:65:ASN:CB	2:B:66:GLU:HG2	2.02	0.89
3:C:152:HIS:CE1	3:C:160:LYS:HA	2.07	0.89
1:A:557:GLN:HG3	1:A:558:HIS:CD2	2.08	0.89
3:C:140:GLU:HB3	3:C:180:ILE:HD11	1.50	0.89
3:C:62:ARG:HD2	3:C:63:THR:N	1.88	0.89
1:A:272:LYS:HB3	1:A:431:LYS:HG2	1.53	0.88
1:A:445:ILE:HG12	1:A:449:LEU:CD1	2.03	0.88
1:A:225:ALA:HA	1:A:341:LEU:CD2	2.03	0.88
1:A:296:LYS:CD	1:A:331:LEU:HD11	2.03	0.88

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:39:PHE:HB3	1:A:100:PRO:HG2	1.56	0.88
1:A:173:GLN:HB2	1:A:459:ILE:CG2	2.03	0.88
1:A:546:THR:HG23	1:A:548:THR:H	1.35	0.88
4:D:35:VAL:CA	4:D:54:VAL:HG21	2.03	0.88
3:C:62:ARG:HH11	3:C:62:ARG:HB3	1.38	0.88
4:E:357:ILE:CG1	4:E:370:VAL:HG23	2.03	0.88
1:A:406:VAL:HG12	1:A:605:GLU:HB2	1.56	0.88
1:A:39:PHE:HB2	1:A:78:PHE:HB2	1.56	0.88
2:B:79:ILE:CG1	2:B:83:VAL:HG13	2.02	0.88
1:A:115:ILE:HG22	1:A:126:VAL:CG2	2.00	0.88
1:A:749:LEU:HD11	1:A:753:ILE:HD11	1.56	0.88
4:E:113:LYS:HB3	4:E:371:HIS:CD2	2.08	0.88
1:A:730:ASN:HB3	1:A:749:LEU:HD13	1.54	0.88
1:A:255:GLY:HA2	1:A:456:GLN:N	1.88	0.87
3:C:150:LEU:HD22	3:C:154:LEU:CD2	2.04	0.87
3:C:83:ASN:HB2	3:C:84:PRO:HD3	1.56	0.87
1:A:415:LYS:CB	4:D:333:PRO:HG2	2.04	0.87
3:C:152:HIS:HE1	3:C:160:LYS:HA	1.37	0.87
3:C:92:VAL:HG22	3:C:95:ASN:HA	1.55	0.87
1:A:578:HIS:CD2	1:A:591:ASN:HA	2.09	0.87
1:A:800:LEU:HG	3:C:162:LYS:CE	2.03	0.87
3:C:191:SER:HA	3:C:192:ILE:CG2	2.04	0.87
1:A:256:ALA:HA	1:A:456:GLN:HB2	1.55	0.87
1:A:296:LYS:HE2	1:A:299:LEU:CB	2.04	0.87
2:B:154:TYR:O	2:B:157:ILE:HG12	1.75	0.87
2:B:160:VAL:HG23	2:B:165:ASP:HB2	1.55	0.87
1:A:94:MET:CE	1:A:101:ALA:HB1	2.05	0.86
1:A:737:GLY:HA3	1:A:739:PHE:CD2	2.09	0.86
4:E:236:LEU:HD13	4:E:251:GLY:HA2	1.58	0.86
1:A:13:ALA:HB1	1:A:139:VAL:HG13	1.56	0.86
1:A:232:PHE:CG	1:A:287:ILE:HG21	2.10	0.86
1:A:404:PRO:HB3	1:A:606:THR:HB	1.57	0.86
1:A:272:LYS:HB3	1:A:431:LYS:CD	2.06	0.86
1:A:611:TYR:CD2	1:A:618:LEU:HD21	2.11	0.86
1:A:221:GLN:HE21	1:A:449:LEU:HD23	1.39	0.86
3:C:135:ARG:NH1	3:C:139:LYS:HB3	1.90	0.86
1:A:9:ILE:HD13	1:A:18:ARG:NH2	1.91	0.85
4:E:190:MET:CE	4:E:206:ARG:HA	2.06	0.85
1:A:418:ASN:N	1:A:421:GLN:HG2	1.90	0.85
1:A:612:GLN:O	1:A:619:LEU:HG	1.74	0.85
1:A:78:PHE:HD2	1:A:98:HIS:HD2	1.22	0.85

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:421:GLN:HE21	1:A:422:VAL:HG12	1.39	0.85
4:D:357:ILE:CG1	4:D:370:VAL:HG23	2.06	0.85
1:A:207:LYS:HD3	1:A:259:LYS:HB2	1.57	0.85
1:A:375:ALA:HB3	1:A:417:GLN:HE22	1.42	0.85
3:C:41:ILE:O	3:C:43:ILE:HG13	1.76	0.85
4:D:299:MET:CE	4:D:304:THR:HB	2.05	0.85
4:D:34:ILE:HB	4:D:54:VAL:HG11	1.59	0.85
1:A:495:MET:CE	1:A:708:ILE:HG21	2.06	0.85
1:A:833:TRP:NE1	2:B:71:MET:HG2	1.91	0.85
1:A:611:TYR:CB	1:A:622:LEU:HD13	2.02	0.85
1:A:9:ILE:CG2	1:A:20:PRO:HA	2.05	0.85
1:A:290:GLN:NE2	1:A:330:GLU:HB3	1.90	0.85
1:A:232:PHE:CD1	1:A:287:ILE:HG21	2.11	0.85
1:A:296:LYS:CG	1:A:331:LEU:HD11	2.07	0.85
1:A:506:GLU:HB3	1:A:508:ILE:HD11	1.59	0.85
1:A:9:ILE:HG21	1:A:21:GLU:H	1.41	0.85
2:B:35:PHE:CD1	2:B:46:ILE:HD13	2.12	0.85
3:C:191:SER:CA	3:C:192:ILE:HG22	2.05	0.85
3:C:92:VAL:HG23	3:C:93:LEU:H	1.42	0.85
4:D:154:ASP:CA	4:D:300:SER:HB3	2.05	0.85
4:D:299:MET:HE1	4:D:309:ILE:HD12	1.56	0.85
1:A:618:LEU:HG	1:A:622:LEU:CD1	2.05	0.84
1:A:811:ARG:HG2	1:A:815:ILE:CD1	2.05	0.84
4:D:189:LEU:HD23	4:D:209:VAL:CG1	2.06	0.84
1:A:99:GLU:HA	1:A:102:VAL:HG13	1.57	0.84
2:B:79:ILE:HD11	2:B:84:PHE:CA	2.05	0.84
1:A:335:ASP:O	1:A:338:ILE:HG22	1.78	0.84
3:C:140:GLU:HG2	3:C:180:ILE:HG12	1.59	0.84
1:A:736:GLU:HA	1:A:740:ILE:CD1	2.08	0.84
3:C:42:LYS:HE2	3:C:113:PRO:HG3	1.56	0.84
1:A:207:LYS:HD3	1:A:259:LYS:CB	2.06	0.84
2:B:137:ILE:HD13	2:B:141:TRP:HE1	1.43	0.84
1:A:303:LEU:HD22	1:A:305:ILE:CG1	2.08	0.84
4:E:79:TRP:CD2	4:E:118:LYS:HG2	2.13	0.83
1:A:329:GLU:O	1:A:332:LEU:HG	1.78	0.83
1:A:530:MET:HE1	4:D:351:THR:CA	2.08	0.83
3:C:90:LYS:HB2	3:C:111:PHE:HE2	1.42	0.83
4:D:35:VAL:HG12	4:D:68:LYS:CB	2.09	0.83
4:E:236:LEU:CD1	4:E:237:GLU:HG2	2.08	0.83
1:A:116:TYR:CD1	1:A:125:THR:HB	2.13	0.83
4:E:76:ILE:CG2	4:E:82:MET:HG2	2.07	0.83

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:495:MET:HE2	1:A:708:ILE:HG21	1.59	0.83
1:A:188:ASN:O	1:A:192:VAL:HG22	1.79	0.83
4:E:116:ARG:NH1	4:E:371:HIS:HA	1.93	0.83
4:E:133:TYR:CZ	4:E:375:PHE:HB2	2.13	0.83
1:A:223:ILE:HD12	1:A:224:GLN:N	1.94	0.83
3:C:135:ARG:HG3	3:C:138:ASP:H	1.44	0.83
4:D:104:LEU:HB2	4:D:356:TRP:HH2	1.42	0.83
1:A:113:TRP:CE3	1:A:130:LYS:HE2	2.12	0.83
1:A:111:ALA:HA	1:A:686:GLY:HA2	1.60	0.83
3:C:152:HIS:O	3:C:157:LEU:HB3	1.78	0.83
1:A:530:MET:CE	4:D:351:THR:HA	2.07	0.83
3:C:128:GLU:HB2	3:C:180:ILE:HG22	1.59	0.83
4:E:361:GLU:CB	4:E:369:ILE:HD13	2.07	0.83
1:A:253:HIS:HB2	1:A:455:ARG:CD	2.09	0.83
1:A:296:LYS:HB3	1:A:331:LEU:HD21	1.58	0.83
1:A:297:PRO:O	1:A:300:ILE:HG12	1.78	0.83
3:C:170:MET:HE1	3:C:186:VAL:HA	1.59	0.83
4:D:285:CYS:HB3	4:D:289:ILE:HD11	1.58	0.83
1:A:16:TYR:CZ	1:A:132:LEU:HB3	2.14	0.83
1:A:295:LYS:HG3	1:A:331:LEU:HD22	1.60	0.82
1:A:611:TYR:HD2	1:A:618:LEU:HD21	1.42	0.82
4:E:107:GLU:O	4:E:137:GLN:HG3	1.79	0.82
1:A:19:LYS:HD3	1:A:23:GLU:HB3	1.60	0.82
1:A:442:VAL:O	1:A:445:ILE:HG22	1.79	0.82
1:A:207:LYS:CD	1:A:259:LYS:HB2	2.09	0.82
3:C:57:PHE:HA	3:C:60:TYR:CD2	2.14	0.82
2:B:116:ILE:CG2	2:B:121:LEU:HD12	2.10	0.82
1:A:195:TYR:CZ	1:A:199:ILE:HD11	2.14	0.82
1:A:397:MET:O	1:A:401:LEU:HD23	1.80	0.82
4:E:79:TRP:CE2	4:E:118:LYS:HG2	2.14	0.82
4:E:36:GLY:O	4:E:52:SER:HA	1.79	0.82
1:A:535:ILE:HD12	1:A:557:GLN:NE2	1.95	0.82
4:D:153:LEU:CD2	4:D:274:ILE:HD12	2.08	0.82
4:E:8:LEU:HD12	4:E:90:PHE:HE1	1.43	0.82
1:A:749:LEU:O	1:A:753:ILE:HG12	1.80	0.82
1:A:800:LEU:O	1:A:803:VAL:HG12	1.79	0.82
3:C:82:THR:O	3:C:85:THR:HG22	1.79	0.82
1:A:115:ILE:HG21	1:A:128:PRO:CD	2.10	0.82
1:A:16:TYR:CD1	1:A:134:VAL:HG23	2.15	0.82
3:C:42:LYS:HA	3:C:43:ILE:CB	2.09	0.82
4:D:169:TYR:CD1	4:E:42:GLY:HA3	2.14	0.82

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:290:ARG:NH1	4:E:244:ASP:HB2	1.94	0.82
1:A:291:ILE:HG13	1:A:296:LYS:HZ2	1.43	0.82
1:A:346:GLU:O	1:A:349:VAL:HG12	1.80	0.82
1:A:39:PHE:CB	1:A:100:PRO:HG2	2.10	0.82
2:B:28:ILE:HD12	2:B:29:GLN:N	1.95	0.82
4:D:22:ALA:HB1	4:D:348:SER:HB3	1.59	0.82
4:E:106:THR:HG22	4:E:135:ALA:HB3	1.62	0.82
1:A:173:GLN:CB	1:A:459:ILE:HG23	2.08	0.82
1:A:740:ILE:HG21	1:A:745:ALA:HB2	1.62	0.82
3:C:80:LEU:HB2	3:C:121:ASN:OD1	1.80	0.82
2:B:97:PRO:O	2:B:100:VAL:HG12	1.80	0.81
1:A:144:ARG:HH22	1:A:199:ILE:HD13	1.44	0.81
1:A:445:ILE:HG23	1:A:449:LEU:HD12	1.63	0.81
1:A:551:LYS:HD2	1:A:555:TYR:HE2	1.45	0.81
1:A:73:ASN:H	1:A:76:GLN:HG2	1.43	0.81
4:E:140:LEU:HD13	4:E:343:GLY:HA3	1.61	0.81
1:A:19:LYS:HD3	1:A:23:GLU:CB	2.11	0.81
1:A:49:LYS:HD3	1:A:65:LEU:HD23	1.60	0.81
1:A:817:CYS:HA	1:A:820:TYR:CZ	2.16	0.81
4:E:35:VAL:HG12	4:E:68:LYS:HB3	1.62	0.81
1:A:364:MET:CG	1:A:382:VAL:HB	2.11	0.81
1:A:366:PHE:CD2	1:A:422:VAL:HG21	2.15	0.81
1:A:468:GLU:OE2	1:A:480:ILE:HD13	1.79	0.81
1:A:72:LEU:HB3	1:A:76:GLN:HG2	1.63	0.81
1:A:805:PHE:HA	1:A:808:MET:HE3	1.61	0.81
1:A:175:ILE:CD1	1:A:461:VAL:HG13	2.11	0.81
1:A:428:ALA:HA	1:A:431:LYS:HE2	1.63	0.81
1:A:605:GLU:O	1:A:608:VAL:HG12	1.81	0.81
1:A:644:LYS:CD	1:A:649:GLN:HG3	2.11	0.81
3:C:137:PHE:CD2	3:C:139:LYS:HB2	2.15	0.81
1:A:159:SER:HB3	1:A:195:TYR:CD2	2.16	0.81
1:A:424:ASN:HD21	1:A:602:PRO:HD2	1.45	0.81
1:A:787:THR:O	1:A:791:ARG:HD3	1.80	0.81
4:D:58:ALA:HB1	4:D:65:LEU:HD22	1.63	0.81
4:E:155:SER:HB3	4:E:160:THR:HG23	1.63	0.81
1:A:13:ALA:CB	1:A:139:VAL:HG22	2.11	0.81
1:A:727:ARG:NH1	1:A:745:ALA:HB1	1.96	0.81
3:C:113:PRO:O	3:C:116:GLN:HB3	1.80	0.81
1:A:232:PHE:CE1	1:A:287:ILE:HG21	2.16	0.80
3:C:90:LYS:HB2	3:C:111:PHE:CE2	2.16	0.80
4:D:209:VAL:HA	4:D:212:ILE:HD12	1.63	0.80

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:349:VAL:O	1:A:352:TYR:HB2	1.81	0.80
2:B:58:MET:HG3	2:B:60:ARG:N	1.96	0.80
1:A:493:HIS:HA	1:A:514:ASP:OD2	1.80	0.80
1:A:569:LYS:HD3	1:A:570:PRO:O	1.82	0.80
1:A:472:PHE:CE1	1:A:591:ASN:HB3	2.16	0.80
4:D:295:ALA:O	4:D:328:LYS:HB3	1.80	0.80
1:A:232:PHE:CD2	1:A:287:ILE:HG21	2.16	0.80
3:C:91:LYS:HE2	3:C:95:ASN:OD1	1.82	0.80
4:E:34:ILE:CB	4:E:54:VAL:HG11	2.11	0.80
1:A:805:PHE:HA	1:A:808:MET:CE	2.11	0.80
2:B:83:VAL:CA	2:B:86:THR:HG22	2.10	0.80
1:A:784:LYS:HD2	1:A:788:LEU:HD11	1.64	0.80
2:B:125:LEU:HB3	2:B:132:PHE:CD1	2.17	0.80
2:B:115:THR:HG21	2:B:154:TYR:CE2	2.17	0.80
3:C:98:ASN:HB3	3:C:99:GLU:HA	1.63	0.80
1:A:693:VAL:HA	1:A:696:GLN:HG3	1.63	0.80
3:C:72:GLN:HA	3:C:75:ASP:OD2	1.81	0.80
1:A:176:LEU:CD1	1:A:673:PHE:HA	2.12	0.80
3:C:170:MET:CE	3:C:186:VAL:HG23	2.11	0.80
3:C:67:LYS:CD	3:C:92:VAL:HG13	2.12	0.80
4:E:139:VAL:HG12	4:E:140:LEU:HD23	1.64	0.80
1:A:253:HIS:HB2	1:A:455:ARG:HD2	1.64	0.79
1:A:261:ALA:HB2	1:A:455:ARG:N	1.96	0.79
1:A:392:LEU:HD11	1:A:613:LYS:O	1.81	0.79
1:A:130:LYS:HG3	1:A:685:PRO:HG3	1.63	0.79
2:B:43:ASP:O	2:B:45:ILE:HG23	1.79	0.79
4:E:300:SER:HA	4:E:335:ARG:CD	2.13	0.79
1:A:375:ALA:HB3	1:A:417:GLN:NE2	1.96	0.79
1:A:89:GLU:O	1:A:117:THR:HG23	1.83	0.79
4:E:178:LEU:HD21	4:E:180:LEU:HB3	1.65	0.79
1:A:111:ALA:CA	1:A:686:GLY:HA2	2.12	0.79
1:A:217:THR:HB	1:A:218:LEU:O	1.81	0.79
1:A:42:ASP:HB2	1:A:48:VAL:HG23	1.65	0.79
2:B:70:ALA:O	2:B:73:LYS:HG2	1.82	0.79
1:A:283:ARG:HD2	1:A:289:TYR:CE2	2.18	0.79
1:A:385:LYS:O	1:A:389:LEU:HD12	1.83	0.79
1:A:611:TYR:HB3	1:A:622:LEU:CD1	2.03	0.79
2:B:61:LEU:HD22	2:B:62:ASN:H	1.47	0.79
3:C:57:PHE:CE2	3:C:69:THR:HG21	2.16	0.79
4:D:244:ASP:OD2	4:D:246:GLN:HG3	1.82	0.79
4:D:250:ILE:HG12	4:D:251:GLY:H	1.46	0.79

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:131:TRP:C	1:A:132:LEU:HD13	2.02	0.79
1:A:256:ALA:N	1:A:456:GLN:HG3	1.98	0.79
4:E:357:ILE:HG12	4:E:370:VAL:HG23	1.63	0.79
4:E:34:ILE:HB	4:E:54:VAL:CG1	2.13	0.79
1:A:107:LYS:HB2	1:A:688:MET:HG3	1.64	0.79
1:A:568:PRO:HG2	1:A:577:ALA:HB3	1.65	0.79
1:A:644:LYS:HD3	1:A:649:GLN:CG	2.11	0.79
1:A:717:ILE:CG2	1:A:721:ASP:HB3	2.12	0.79
3:C:123:ASP:HB3	3:C:126:THR:HG22	1.64	0.79
1:A:47:TYR:CD2	1:A:100:PRO:HG3	2.18	0.79
1:A:535:ILE:HG23	1:A:553:LYS:HE2	1.63	0.79
3:C:148:ALA:HA	3:C:163:GLU:OE2	1.83	0.79
1:A:210:GLN:HG3	1:A:211:PRO:N	1.96	0.79
1:A:25:ILE:HD12	1:A:26:GLU:N	1.97	0.79
1:A:392:LEU:HD22	1:A:614:SER:HB3	1.65	0.79
3:C:127:TYR:HE2	3:C:187:LYS:HE2	1.47	0.79
3:C:92:VAL:N	3:C:95:ASN:HB3	1.98	0.79
4:D:321:ALA:HB1	4:D:322:PRO:HD2	1.65	0.78
4:E:237:GLU:O	4:E:249:THR:HG23	1.83	0.78
1:A:123:CYS:HG	1:A:153:PRO:HB3	1.47	0.78
1:A:287:ILE:HD12	1:A:288:PHE:N	1.98	0.78
1:A:789:MET:HE2	3:C:150:LEU:HD11	1.64	0.78
4:D:189:LEU:HA	4:D:192:ILE:HD11	1.65	0.78
4:D:36:GLY:O	4:D:52:SER:HA	1.82	0.78
1:A:272:LYS:CD	1:A:431:LYS:HB3	2.12	0.78
1:A:436:LYS:HD3	1:A:621:PHE:HB3	1.64	0.78
1:A:737:GLY:HA3	1:A:739:PHE:HD2	1.47	0.78
1:A:16:TYR:CE2	1:A:132:LEU:HG	2.19	0.78
1:A:462:LEU:HD13	1:A:463:ASP:N	1.98	0.78
4:E:189:LEU:HD12	4:E:189:LEU:O	1.84	0.78
4:E:236:LEU:HD12	4:E:237:GLU:HG2	1.66	0.78
1:A:91:MET:HE2	1:A:102:VAL:HA	1.66	0.78
4:D:124:PHE:CE2	4:D:362:TYR:HB2	2.19	0.78
1:A:176:LEU:HD11	1:A:673:PHE:CD2	2.19	0.78
1:A:247:GLY:H	1:A:269:LEU:HD11	1.45	0.78
1:A:47:TYR:CB	1:A:100:PRO:HG3	2.14	0.78
1:A:551:LYS:HG2	1:A:555:TYR:CE2	2.18	0.78
1:A:508:ILE:HG13	1:A:768:PHE:CZ	2.19	0.78
4:D:336:LYS:HE2	5:D:401:ADP:H5'2	1.65	0.78
4:E:336:LYS:HE2	5:E:401:ADP:H5'2	1.65	0.78
4:E:97:ALA:HB1	4:E:99:GLU:OE1	1.83	0.78

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:476:GLU:O	1:A:480:ILE:HD12	1.83	0.78
4:E:180:LEU:HD12	4:E:181:ALA:H	1.49	0.78
1:A:795:LEU:HD23	3:C:187:LYS:HZ3	1.47	0.78
1:A:79:PRO:HD2	1:A:98:HIS:NE2	1.99	0.78
1:A:824:ALA:O	1:A:828:VAL:HG12	1.82	0.78
2:B:52:ARG:HD2	2:B:64:LYS:CG	2.14	0.78
4:D:39:ARG:HG2	4:D:66:THR:HG22	1.64	0.78
1:A:293:SER:HB3	1:A:327:ASP:HB2	1.65	0.77
3:C:62:ARG:HD2	3:C:63:THR:H	1.46	0.77
1:A:207:LYS:HD2	1:A:454:PRO:CD	2.06	0.77
1:A:175:ILE:HD11	1:A:461:VAL:CG2	2.11	0.77
1:A:436:LYS:HB3	1:A:621:PHE:CD1	2.18	0.77
1:A:9:ILE:HG23	1:A:18:ARG:NH1	1.99	0.77
4:E:164:PRO:HG2	4:E:174:ALA:HB1	1.66	0.77
1:A:207:LYS:CE	1:A:259:LYS:HB2	2.13	0.77
1:A:322:VAL:O	1:A:325:ILE:HG22	1.84	0.77
1:A:831:TRP:CE3	1:A:834:MET:HG2	2.17	0.77
3:C:134:LEU:HD21	3:C:150:LEU:HG	1.67	0.77
4:D:183:ARG:HG2	4:D:184:ASP:N	1.98	0.77
1:A:613:LYS:HD3	1:A:613:LYS:N	2.00	0.77
3:C:174:GLU:O	3:C:176:SER:HA	1.85	0.77
4:D:34:ILE:CB	4:D:54:VAL:HG11	2.15	0.77
1:A:5:ALA:HB1	1:A:18:ARG:NH1	2.00	0.77
1:A:62:VAL:HG12	1:A:70:LEU:O	1.85	0.77
1:A:727:ARG:NH2	1:A:749:LEU:HB2	2.00	0.77
4:D:332:PRO:HG2	4:D:335:ARG:CZ	2.15	0.77
1:A:175:ILE:O	1:A:175:ILE:HD12	1.84	0.77
2:B:108:LEU:CD2	2:B:116:ILE:HD13	2.07	0.77
4:D:142:LEU:HD21	4:D:165:ILE:CD1	2.09	0.77
1:A:158:ILE:HA	1:A:161:ASN:HD21	1.50	0.77
3:C:142:ASN:O	3:C:177:ASN:HB3	1.85	0.77
1:A:355:THR:O	1:A:358:VAL:HB	1.85	0.77
1:A:392:LEU:HD11	1:A:613:LYS:C	2.05	0.77
1:A:392:LEU:CD2	1:A:614:SER:HB3	2.13	0.77
1:A:795:LEU:HG	3:C:187:LYS:HD3	1.66	0.77
4:D:34:ILE:HG22	4:D:68:LYS:N	1.99	0.77
1:A:109:ARG:O	1:A:112:ALA:HB3	1.84	0.76
1:A:246:PHE:HA	1:A:269:LEU:CD1	2.15	0.76
1:A:801:MET:HE3	3:C:57:PHE:CZ	2.20	0.76
3:C:123:ASP:O	3:C:126:THR:HG23	1.85	0.76
4:D:142:LEU:CD2	4:D:165:ILE:HD13	2.10	0.76

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:233:SER:HB3	4:D:236:LEU:HG	1.66	0.76
4:E:365:ALA:CB	4:E:369:ILE:HD12	2.15	0.76
3:C:42:LYS:HD2	3:C:47:LYS:CB	2.16	0.76
4:E:269:MET:HG2	4:E:271:SER:OG	1.85	0.76
1:A:312:PHE:O	1:A:315:VAL:HG23	1.86	0.76
1:A:694:MET:HA	1:A:694:MET:HE2	1.65	0.76
1:A:415:LYS:CG	4:D:333:PRO:HG2	2.15	0.76
1:A:74:SER:O	1:A:77:VAL:HG22	1.83	0.76
1:A:107:LYS:CG	1:A:688:MET:HG3	2.16	0.76
1:A:246:PHE:CA	1:A:269:LEU:HD11	2.16	0.76
1:A:671:PRO:HB2	1:A:673:PHE:CE1	2.21	0.76
1:A:40:ALA:HB1	1:A:72:LEU:CD2	2.16	0.76
3:C:109:GLU:O	3:C:113:PRO:HD2	1.85	0.76
3:C:128:GLU:CB	3:C:180:ILE:HG22	2.15	0.76
1:A:314:PHE:CE2	1:A:362:GLY:HA2	2.20	0.76
1:A:464:ILE:HG12	1:A:465:ALA:N	1.98	0.76
1:A:62:VAL:HG11	1:A:72:LEU:HD13	1.68	0.76
3:C:92:VAL:CG2	3:C:95:ASN:HA	2.15	0.76
3:C:58:LEU:HD11	3:C:65:ASP:HB2	1.66	0.76
4:E:149:THR:HG22	4:E:150:GLY:H	1.50	0.76
4:E:198:TYR:CE1	4:E:248:ILE:HG22	2.21	0.76
4:E:37:ARG:HG2	4:E:38:PRO:CD	2.12	0.76
1:A:115:ILE:HG21	1:A:128:PRO:HG3	1.67	0.76
1:A:123:CYS:SG	1:A:153:PRO:HB3	2.26	0.76
3:C:67:LYS:HA	3:C:67:LYS:HE2	1.67	0.76
1:A:360:HIS:HB3	1:A:382:VAL:CG1	2.14	0.75
1:A:838:PHE:CE1	2:B:164:GLY:HA3	2.21	0.75
1:A:815:ILE:HG21	2:B:129:CYS:SG	2.26	0.75
3:C:67:LYS:O	3:C:70:LEU:HB2	1.86	0.75
4:D:287:ILE:HB	4:E:244:ASP:CB	2.16	0.75
1:A:253:HIS:O	1:A:260:LEU:HD22	1.87	0.75
1:A:255:GLY:CA	1:A:456:GLN:H	1.95	0.75
1:A:506:GLU:CB	1:A:508:ILE:HD11	2.16	0.75
3:C:180:ILE:O	3:C:183:GLU:HG3	1.86	0.75
4:E:140:LEU:O	4:E:342:GLY:HA3	1.86	0.75
1:A:46:MET:HA	1:A:46:MET:CE	2.17	0.75
1:A:64:THR:HG22	1:A:65:LEU:H	1.50	0.75
1:A:717:ILE:HG22	1:A:721:ASP:HB3	1.68	0.75
1:A:789:MET:CE	3:C:150:LEU:HD11	2.16	0.75
3:C:140:GLU:CG	3:C:180:ILE:HG12	2.17	0.75
1:A:166:MET:SD	1:A:457:TYR:HB2	2.27	0.75

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:424:ASN:ND2	1:A:600:LYS:HG2	2.02	0.75
1:A:825:PHE:HA	1:A:828:VAL:CG1	2.17	0.75
2:B:83:VAL:HA	2:B:86:THR:CG2	2.16	0.75
3:C:66:SER:CB	3:C:68:ILE:HG22	2.17	0.75
1:A:440:TRP:O	1:A:443:THR:HG22	1.87	0.75
1:A:800:LEU:HD11	3:C:162:LYS:HG2	1.69	0.75
1:A:833:TRP:CE2	2:B:71:MET:HG2	2.22	0.75
4:E:164:PRO:HG2	4:E:174:ALA:CB	2.16	0.75
3:C:74:GLY:HA3	3:C:112:LEU:HD11	1.68	0.75
1:A:130:LYS:CD	1:A:132:LEU:HD11	2.16	0.75
1:A:421:GLN:HG3	1:A:422:VAL:N	2.02	0.75
1:A:614:SER:N	1:A:619:LEU:HD11	2.00	0.75
1:A:122:PHE:CE1	1:A:673:PHE:HB2	2.22	0.75
4:D:11:ASP:HB3	4:D:18:LYS:HG2	1.68	0.75
4:E:236:LEU:HD22	4:E:251:GLY:C	2.08	0.75
1:A:14:ALA:CB	1:A:18:ARG:HD2	2.17	0.74
1:A:232:PHE:CZ	1:A:287:ILE:HG21	2.23	0.74
1:A:303:LEU:HD22	1:A:305:ILE:HG13	1.66	0.74
1:A:85:PHE:O	1:A:88:ILE:HB	1.87	0.74
4:D:59:GLN:O	4:D:62:ARG:HG3	1.87	0.74
4:E:156:GLY:O	4:E:181:ALA:HB1	1.87	0.74
4:E:332:PRO:HG2	4:E:335:ARG:CZ	2.17	0.74
4:E:47:MET:HG3	4:E:48:GLY:H	1.51	0.74
2:B:28:ILE:HG22	2:B:85:LEU:CD2	2.17	0.74
3:C:189:ILE:HG12	3:C:190:MET:N	2.03	0.74
4:E:223:PHE:CE1	4:E:259:GLU:HG2	2.22	0.74
1:A:387:GLY:HA2	1:A:397:MET:SD	2.28	0.74
3:C:137:PHE:HD2	3:C:139:LYS:HB2	1.50	0.74
1:A:142:ALA:O	1:A:146:LYS:HD2	1.88	0.74
1:A:390:MET:CB	1:A:392:LEU:HD23	2.10	0.74
1:A:436:LYS:HB3	1:A:621:PHE:HD1	1.53	0.74
1:A:167:LEU:HD21	1:A:258:GLY:HA3	1.69	0.74
3:C:57:PHE:HA	3:C:60:TYR:HD2	1.51	0.74
3:C:69:THR:HG22	3:C:72:GLN:HB2	1.69	0.74
4:E:163:VAL:HG22	4:E:175:ILE:HG23	1.70	0.74
4:E:39:ARG:HE	4:E:66:THR:HB	1.52	0.74
1:A:253:HIS:CB	1:A:458:PHE:HB3	2.17	0.74
3:C:180:ILE:HA	3:C:183:GLU:HG2	1.70	0.74
4:D:219:VAL:HG22	4:D:258:PRO:HB2	1.69	0.74
4:E:39:ARG:HE	4:E:66:THR:CB	2.01	0.74
1:A:253:HIS:CG	1:A:455:ARG:HD2	2.23	0.74

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:361:TYR:HA	1:A:364:MET:SD	2.28	0.74
3:C:92:VAL:H	3:C:95:ASN:HB3	1.49	0.74
4:D:158:GLY:HA2	4:D:183:ARG:HD2	1.70	0.74
4:E:365:ALA:HB3	4:E:369:ILE:HD12	1.68	0.74
1:A:159:SER:HB3	1:A:195:TYR:CG	2.22	0.73
1:A:232:PHE:CE2	1:A:287:ILE:HG21	2.24	0.73
1:A:778:GLU:O	1:A:781:ARG:HG3	1.87	0.73
2:B:70:ALA:HA	2:B:73:LYS:CE	2.18	0.73
3:C:135:ARG:CZ	3:C:137:PHE:HB3	2.17	0.73
3:C:71:SER:HB2	3:C:86:ASN:CG	2.08	0.73
4:E:178:LEU:HG	4:E:180:LEU:H	1.52	0.73
4:E:34:ILE:CG1	4:E:54:VAL:HG11	2.18	0.73
1:A:519:LEU:HD22	1:A:584:TYR:HB3	1.68	0.73
1:A:81:ASN:ND2	1:A:96:HIS:H	1.86	0.73
2:B:61:LEU:HD22	2:B:62:ASN:N	2.03	0.73
4:E:8:LEU:HD12	4:E:90:PHE:CE1	2.22	0.73
1:A:229:LEU:HD22	1:A:438:PHE:HE1	1.53	0.73
1:A:332:LEU:HD12	1:A:333:ALA:N	2.02	0.73
1:A:81:ASN:HD21	1:A:96:HIS:H	1.36	0.73
2:B:105:PHE:O	2:B:108:LEU:HB2	1.87	0.73
1:A:195:TYR:OH	1:A:199:ILE:HD11	1.88	0.73
1:A:205:LYS:HG2	1:A:257:THR:HG21	1.70	0.73
1:A:780:MET:O	1:A:783:GLU:HG3	1.88	0.73
3:C:142:ASN:H	3:C:177:ASN:N	1.86	0.73
4:D:287:ILE:HG12	4:D:288:ASP:N	2.02	0.73
1:A:246:PHE:HA	1:A:269:LEU:HD11	1.70	0.73
4:D:122:ILE:O	4:D:126:THR:HB	1.89	0.73
1:A:645:GLY:HA2	4:D:23:GLY:HA2	1.70	0.73
1:A:520:ALA:HA	1:A:523:ILE:CD1	2.16	0.73
3:C:50:GLN:NE2	3:C:112:LEU:HB2	2.03	0.73
4:D:306:TYR:O	4:D:309:ILE:HB	1.88	0.73
1:A:47:TYR:CG	1:A:100:PRO:HG3	2.24	0.73
1:A:841:LYS:HB3	1:A:842:PRO:HD3	1.69	0.73
3:C:156:THR:O	3:C:157:LEU:HD13	1.89	0.73
4:E:206:ARG:HG2	4:E:206:ARG:HH11	1.53	0.73
1:A:197:ALA:O	1:A:201:VAL:HG22	1.88	0.73
1:A:479:CYS:O	1:A:483:THR:HG23	1.89	0.73
1:A:485:GLU:OE1	1:A:523:ILE:HG23	1.89	0.73
1:A:513:ILE:HG22	1:A:514:ASP:H	1.52	0.73
1:A:755:VAL:HG11	1:A:773:LEU:HD21	1.69	0.73
3:C:47:LYS:HG3	3:C:109:GLU:OE2	1.87	0.73

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:C:67:LYS:CE	3:C:101:MET:HB3	2.19	0.73
4:D:34:ILE:HB	4:D:54:VAL:CG1	2.19	0.73
4:E:153:LEU:HD11	4:E:274:ILE:CG2	2.19	0.73
1:A:546:THR:HG23	1:A:548:THR:N	2.03	0.73
4:E:190:MET:HE3	4:E:206:ARG:HG3	1.69	0.73
1:A:163:TYR:CE2	1:A:199:ILE:HG21	2.23	0.72
1:A:190:LYS:O	1:A:194:GLN:HG3	1.89	0.72
1:A:220:ASP:HA	1:A:223:ILE:CG1	2.19	0.72
1:A:279:LEU:HD23	1:A:279:LEU:H	1.53	0.72
1:A:351:ILE:HG12	1:A:437:MET:CE	2.19	0.72
1:A:245:ARG:HG3	1:A:285:TYR:CE1	2.24	0.72
1:A:295:LYS:CB	1:A:331:LEU:HB3	2.18	0.72
1:A:492:ASN:OD1	1:A:708:ILE:HD11	1.89	0.72
4:D:158:GLY:N	4:D:181:ALA:HB3	2.05	0.72
4:E:102:PRO:HB3	4:E:131:ALA:CB	2.18	0.72
4:D:346:LEU:O	4:D:349:LEU:HB2	1.90	0.72
1:A:800:LEU:CG	3:C:162:LYS:HE2	2.11	0.72
4:E:189:LEU:HG	4:E:209:VAL:HG13	1.69	0.72
1:A:207:LYS:CD	1:A:454:PRO:HD2	2.07	0.72
3:C:62:ARG:C	3:C:62:ARG:HD2	2.10	0.72
4:D:156:GLY:O	4:D:181:ALA:HB1	1.89	0.72
4:D:332:PRO:HG2	4:D:335:ARG:NE	2.04	0.72
1:A:167:LEU:HD22	1:A:257:THR:C	2.09	0.72
1:A:46:MET:HB2	1:A:690:HIS:CB	2.19	0.72
1:A:535:ILE:HG23	1:A:553:LYS:CE	2.19	0.72
3:C:51:ASP:O	3:C:54:LYS:HB3	1.90	0.72
1:A:14:ALA:HB1	1:A:18:ARG:CD	2.20	0.72
1:A:5:ALA:HB1	1:A:18:ARG:CZ	2.19	0.72
1:A:535:ILE:HD12	1:A:557:GLN:CD	2.09	0.72
1:A:833:TRP:HA	1:A:836:LEU:CD1	2.11	0.72
3:C:69:THR:HB	3:C:73:VAL:HG23	1.70	0.72
4:D:250:ILE:CG1	4:D:253:GLU:HB2	2.20	0.72
4:D:360:GLN:O	4:D:364:GLU:HG3	1.89	0.72
4:E:34:ILE:HD13	4:E:69:TYR:CZ	2.25	0.72
1:A:654:VAL:O	1:A:657:GLU:HB3	1.88	0.72
1:A:78:PHE:HB3	1:A:98:HIS:CD2	2.25	0.72
4:E:370:VAL:HG22	4:E:375:PHE:O	1.89	0.72
1:A:234:ASN:H	1:A:245:ARG:HG2	1.55	0.71
1:A:298:GLU:HG3	1:A:299:LEU:N	2.04	0.71
1:A:392:LEU:HD13	1:A:614:SER:HB2	1.72	0.71
1:A:736:GLU:O	1:A:740:ILE:HD12	1.90	0.71

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:E:295:ALA:O	4:E:328:LYS:HB3	1.90	0.71
1:A:14:ALA:HB1	1:A:18:ARG:HD2	1.70	0.71
1:A:514:ASP:HB3	1:A:517:MET:HE3	1.72	0.71
1:A:115:ILE:HG21	1:A:128:PRO:CG	2.20	0.71
1:A:290:GLN:HE21	1:A:330:GLU:HB3	1.53	0.71
1:A:351:ILE:HG12	1:A:437:MET:HE2	1.70	0.71
1:A:530:MET:HE2	4:D:351:THR:HG22	1.71	0.71
1:A:1:MET:O	1:A:2:SER:C	2.26	0.71
1:A:496:PHE:CG	1:A:514:ASP:HA	2.25	0.71
1:A:584:TYR:HD1	1:A:584:TYR:H	1.36	0.71
1:A:829:LYS:HD2	1:A:830:HIS:CD2	2.25	0.71
4:E:260:THR:HG23	4:E:266:PHE:HB2	1.72	0.71
1:A:520:ALA:CA	1:A:523:ILE:HD11	2.14	0.71
4:E:143:TYR:CE2	4:E:346:LEU:HB2	2.26	0.71
1:A:230:GLU:O	1:A:234:ASN:HB2	1.91	0.71
1:A:261:ALA:HB2	1:A:454:PRO:C	2.10	0.71
3:C:140:GLU:CB	3:C:180:ILE:HD11	2.19	0.71
4:E:334:GLU:HA	4:E:334:GLU:OE2	1.89	0.71
1:A:39:PHE:CD1	1:A:100:PRO:HB2	2.25	0.71
1:A:283:ARG:HB2	1:A:289:TYR:OH	1.91	0.71
1:A:415:LYS:HG3	1:A:416:GLY:N	2.06	0.71
1:A:253:HIS:HB3	1:A:458:PHE:HB3	1.73	0.71
1:A:524:GLU:HG3	1:A:528:LYS:CD	2.17	0.71
1:A:131:TRP:O	1:A:132:LEU:HD13	1.90	0.71
1:A:32:PHE:HB3	1:A:83:PRO:CG	2.18	0.71
3:C:108:PHE:CZ	3:C:112:LEU:HG	2.24	0.71
3:C:159:GLU:HG2	3:C:162:LYS:CD	2.21	0.71
1:A:291:ILE:HG13	1:A:296:LYS:NZ	2.06	0.71
1:A:515:PHE:HE1	1:A:711:LYS:HG2	1.55	0.71
1:A:784:LYS:HD2	1:A:788:LEU:CD1	2.21	0.71
2:B:58:MET:CG	2:B:60:ARG:H	1.97	0.71
3:C:68:ILE:O	3:C:91:LYS:HE3	1.91	0.71
4:E:27:PRO:HG3	4:E:340:TRP:CG	2.25	0.71
4:E:34:ILE:HG13	4:E:54:VAL:HG11	1.73	0.71
1:A:267:THR:HG21	1:A:438:PHE:HE2	1.56	0.71
3:C:55:GLU:O	3:C:59:LEU:HD13	1.91	0.71
1:A:79:PRO:HD2	1:A:98:HIS:HE2	1.56	0.70
3:C:170:MET:HE3	3:C:186:VAL:HG23	1.72	0.70
4:D:250:ILE:HG12	4:D:253:GLU:HB2	1.71	0.70
1:A:291:ILE:O	1:A:296:LYS:HD3	1.91	0.70
1:A:488:GLN:HG3	1:A:584:TYR:HE2	1.57	0.70

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:508:ILE:HG13	1:A:768:PHE:CE2	2.26	0.70
1:A:822:ILE:HG12	2:B:132:PHE:CZ	2.26	0.70
3:C:47:LYS:HG3	3:C:109:GLU:CD	2.11	0.70
4:D:8:LEU:HD13	4:D:90:PHE:HE1	1.54	0.70
4:E:223:PHE:CD1	4:E:259:GLU:HG2	2.26	0.70
1:A:510:TRP:CE2	1:A:512:PHE:HB2	2.26	0.70
3:C:70:LEU:CB	3:C:91:LYS:HD2	2.21	0.70
4:E:362:TYR:HE1	4:E:367:PRO:HG3	1.56	0.70
1:A:295:LYS:HG2	1:A:332:LEU:CA	2.21	0.70
1:A:263:ALA:HB3	1:A:449:LEU:HD22	1.72	0.70
1:A:176:LEU:HD11	1:A:673:PHE:HA	1.72	0.70
1:A:78:PHE:CD2	1:A:98:HIS:HD2	2.07	0.70
3:C:67:LYS:HD2	3:C:101:MET:CB	2.20	0.70
3:C:179:CYS:O	3:C:183:GLU:HG2	1.91	0.70
3:C:170:MET:HG3	3:C:182:TYR:CE1	2.27	0.70
3:C:45:PHE:H	3:C:46:SER:HB2	1.54	0.70
4:E:134:VAL:O	4:E:375:PHE:HB3	1.90	0.70
3:C:46:SER:O	3:C:49:GLN:HG2	1.91	0.70
3:C:86:ASN:HB3	3:C:91:LYS:CD	2.21	0.70
4:D:39:ARG:NE	4:D:66:THR:HA	2.05	0.70
2:B:160:VAL:CG2	2:B:165:ASP:HB2	2.22	0.70
4:E:143:TYR:OH	4:E:349:LEU:HD11	1.91	0.70
1:A:345:SER:O	1:A:348:LYS:HB3	1.92	0.70
1:A:445:ILE:HG12	1:A:449:LEU:HD11	1.74	0.70
3:C:50:GLN:NE2	3:C:109:GLU:HA	2.07	0.70
3:C:57:PHE:HE2	3:C:69:THR:HG21	1.54	0.70
4:E:300:SER:CA	4:E:335:ARG:HG3	2.19	0.70
1:A:99:GLU:HA	1:A:102:VAL:CG1	2.20	0.70
1:A:103:LEU:HD22	1:A:690:HIS:CD2	2.20	0.70
1:A:475:LEU:HD22	1:A:595:TRP:CE3	2.26	0.70
1:A:569:LYS:HG2	1:A:570:PRO:CD	2.15	0.70
3:C:80:LEU:HD22	3:C:187:LYS:NZ	2.06	0.70
3:C:91:LYS:HG3	3:C:95:ASN:ND2	2.07	0.70
4:D:326:LYS:C	4:D:327:ILE:HD12	2.12	0.70
4:D:37:ARG:CG	4:D:38:PRO:HD2	2.21	0.70
4:E:33:SER:C	4:E:34:ILE:HG12	2.12	0.70
1:A:128:PRO:CB	1:A:132:LEU:HD21	2.19	0.70
1:A:220:ASP:HA	1:A:223:ILE:HG13	1.72	0.70
3:C:180:ILE:HD12	3:C:181:ASN:N	2.06	0.70
4:D:8:LEU:O	4:D:103:THR:HG23	1.92	0.70
4:D:8:LEU:HD13	4:D:90:PHE:CE1	2.26	0.70

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:E:357:ILE:HG13	4:E:370:VAL:HG23	1.74	0.70
1:A:443:THR:HA	1:A:446:ASN:HD22	1.55	0.69
1:A:822:ILE:CD1	2:B:132:PHE:HE2	2.05	0.69
3:C:91:LYS:HB2	3:C:95:ASN:HB3	1.73	0.69
4:D:220:ALA:HB1	4:D:226:GLU:HG3	1.74	0.69
4:D:185:LEU:CD1	4:D:261:LEU:HD21	2.11	0.69
4:E:34:ILE:CG2	4:E:67:LEU:HB3	2.22	0.69
4:D:143:TYR:CD2	4:D:346:LEU:HD13	2.27	0.69
4:E:132:MET:O	4:E:357:ILE:HB	1.92	0.69
4:E:35:VAL:HG12	4:E:68:LYS:CB	2.22	0.69
1:A:296:LYS:HB3	1:A:331:LEU:CD2	2.22	0.69
1:A:485:GLU:HA	1:A:584:TYR:CE1	2.27	0.69
1:A:176:LEU:HD11	1:A:673:PHE:CG	2.27	0.69
1:A:822:ILE:HD11	2:B:132:PHE:HE2	1.57	0.69
1:A:287:ILE:HD12	1:A:288:PHE:H	1.55	0.69
1:A:405:ARG:H	1:A:606:THR:HG21	1.57	0.69
1:A:90:ASP:HA	1:A:118:TYR:O	1.93	0.69
1:A:210:GLN:HG3	1:A:211:PRO:CD	2.23	0.69
1:A:583:HIS:C	1:A:585:ALA:HB3	2.13	0.69
1:A:800:LEU:CD1	3:C:162:LYS:HG2	2.23	0.69
3:C:45:PHE:O	3:C:48:GLU:HG2	1.91	0.69
1:A:293:SER:OG	1:A:328:SER:HA	1.91	0.69
4:D:61:LYS:O	4:D:64:ILE:HG22	1.92	0.69
2:B:108:LEU:HD21	2:B:124:LEU:HD23	1.75	0.69
3:C:111:PHE:O	3:C:115:LEU:HB3	1.92	0.69
4:D:212:ILE:CG2	4:D:216:LEU:HD12	2.20	0.69
1:A:103:LEU:HD11	1:A:107:LYS:HD3	1.75	0.69
1:A:292:MET:CE	1:A:309:PRO:HB3	2.21	0.69
4:E:310:ALA:HB1	4:E:329:ILE:HG21	1.73	0.69
1:A:272:LYS:HD3	1:A:431:LYS:CB	2.20	0.69
1:A:283:ARG:HD3	1:A:322:VAL:HG23	1.74	0.69
1:A:358:VAL:CG2	1:A:430:ALA:HA	2.20	0.69
1:A:567:LYS:HD3	1:A:578:HIS:O	1.93	0.69
1:A:760:TYR:HE2	1:A:762:PHE:CE1	2.11	0.69
1:A:380:THR:OG1	1:A:398:LEU:HD11	1.93	0.69
1:A:380:THR:CG2	1:A:398:LEU:HD11	2.22	0.69
4:D:34:ILE:CG2	4:D:67:LEU:HB3	2.22	0.69
1:A:235:ALA:HA	1:A:286:HIS:CE1	2.28	0.69
1:A:337:ALA:O	1:A:340:ILE:HG22	1.93	0.69
1:A:344:SER:O	1:A:347:GLU:HG3	1.92	0.69
1:A:406:VAL:HG11	1:A:414:THR:HG21	1.74	0.69

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:404:PRO:HB2	1:A:414:THR:OG1	1.92	0.69
1:A:485:GLU:HG2	1:A:584:TYR:HE1	1.58	0.69
1:A:814:SER:HB2	2:B:104:ALA:O	1.92	0.69
4:D:116:ARG:HD3	4:D:370:VAL:HG13	1.75	0.69
1:A:793:GLN:HE22	3:C:156:THR:H	1.39	0.68
3:C:80:LEU:HD22	3:C:187:LYS:HZ3	1.57	0.68
1:A:99:GLU:CA	1:A:102:VAL:HG13	2.22	0.68
1:A:603:LEU:HG	1:A:648:PHE:CG	2.27	0.68
3:C:42:LYS:NZ	3:C:47:LYS:HB2	2.07	0.68
1:A:295:LYS:HB3	1:A:331:LEU:HD13	1.74	0.68
1:A:665:ASN:O	1:A:668:SER:HB2	1.93	0.68
1:A:750:LEU:O	1:A:753:ILE:HB	1.94	0.68
3:C:148:ALA:HA	3:C:163:GLU:CD	2.13	0.68
3:C:87:ALA:HB1	3:C:94:GLY:CA	2.24	0.68
4:E:180:LEU:HD12	4:E:181:ALA:N	2.08	0.68
1:A:478:LEU:HB2	1:A:590:TYR:CE1	2.27	0.68
2:B:52:ARG:HG2	2:B:68:LEU:CD2	2.23	0.68
4:D:39:ARG:CG	4:D:66:THR:HG22	2.24	0.68
1:A:113:TRP:CZ3	1:A:130:LYS:HE2	2.27	0.68
1:A:269:LEU:HD13	1:A:269:LEU:O	1.93	0.68
1:A:383:ALA:O	1:A:386:ALA:HB3	1.93	0.68
1:A:253:HIS:CB	1:A:455:ARG:HD2	2.23	0.68
3:C:66:SER:HB2	3:C:68:ILE:HG22	1.74	0.68
3:C:71:SER:O	3:C:75:ASP:HB3	1.93	0.68
4:D:282:ILE:HG22	4:D:290:ARG:HD3	1.75	0.68
1:A:21:GLU:HG2	1:A:22:LYS:N	2.07	0.68
1:A:528:LYS:HB2	1:A:529:PRO:HD2	1.75	0.68
2:B:28:ILE:HG22	2:B:85:LEU:HD21	1.75	0.68
4:D:158:GLY:CA	4:D:181:ALA:HB3	2.23	0.68
1:A:404:PRO:HB3	1:A:606:THR:CB	2.24	0.68
1:A:708:ILE:O	1:A:711:LYS:HB2	1.93	0.68
1:A:740:ILE:HG22	1:A:745:ALA:HB2	1.74	0.68
3:C:188:HIS:O	3:C:189:ILE:HG23	1.93	0.68
4:E:16:LEU:HB2	4:E:18:LYS:NZ	2.08	0.68
1:A:368:GLN:HG3	1:A:376:GLU:CB	2.23	0.68
1:A:423:THR:O	1:A:426:VAL:HG22	1.93	0.68
3:C:151:ARG:HD2	3:C:163:GLU:OE2	1.94	0.68
3:C:42:LYS:HD2	3:C:47:LYS:N	2.09	0.68
4:E:332:PRO:HG2	4:E:335:ARG:NE	2.09	0.68
1:A:116:TYR:CE1	1:A:125:THR:HB	2.29	0.68
1:A:295:LYS:HB3	1:A:331:LEU:HB3	1.75	0.68

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:373:GLU:OE1	1:A:373:GLU:HA	1.94	0.68
1:A:578:HIS:NE2	1:A:592:ILE:HG12	2.09	0.68
4:D:227:MET:SD	4:D:255:PHE:HE1	2.17	0.68
4:E:113:LYS:HB3	4:E:371:HIS:NE2	2.08	0.68
3:C:167:GLU:HA	3:C:182:TYR:HE1	1.57	0.68
4:D:299:MET:HE1	4:D:309:ILE:HG21	1.74	0.68
4:E:73:HIC:HA	4:E:183:ARG:HH12	1.59	0.68
4:E:233:SER:OG	4:E:236:LEU:HG	1.94	0.68
1:A:170:ARG:CZ	1:A:256:ALA:HB1	2.24	0.67
1:A:760:TYR:HE2	1:A:762:PHE:HE1	1.42	0.67
2:B:108:LEU:O	2:B:110:PRO:HD3	1.94	0.67
3:C:46:SER:H	3:C:49:GLN:H	1.40	0.67
3:C:68:ILE:HD11	3:C:95:ASN:O	1.94	0.67
4:D:212:ILE:HG23	4:D:216:LEU:CD1	2.18	0.67
1:A:701:GLY:O	1:A:704:GLU:HB3	1.93	0.67
1:A:837:PHE:O	1:A:840:ILE:HG12	1.93	0.67
1:A:793:GLN:NE2	3:C:156:THR:H	1.91	0.67
3:C:167:GLU:HA	3:C:182:TYR:CE1	2.28	0.67
3:C:54:LYS:HE3	3:C:54:LYS:CA	2.11	0.67
4:D:36:GLY:HA3	4:D:66:THR:O	1.94	0.67
4:E:190:MET:HE2	4:E:206:ARG:HA	1.75	0.67
1:A:515:PHE:CD1	1:A:711:LYS:HE3	2.29	0.67
1:A:88:ILE:HG22	1:A:105:ASN:OD1	1.94	0.67
1:A:417:GLN:HA	1:A:421:GLN:CD	2.14	0.67
1:A:418:ASN:H	1:A:421:GLN:CG	2.05	0.67
1:A:445:ILE:HG12	1:A:449:LEU:HD12	1.76	0.67
2:B:146:PRO:HG3	2:B:156:ASN:OD1	1.93	0.67
2:B:160:VAL:HG23	2:B:165:ASP:CB	2.25	0.67
3:C:62:ARG:CB	3:C:62:ARG:HH11	2.08	0.67
1:A:238:VAL:HA	1:A:281:SER:O	1.95	0.67
1:A:272:LYS:CB	1:A:431:LYS:HD2	2.24	0.67
1:A:364:MET:HG3	1:A:382:VAL:HB	1.74	0.67
1:A:12:GLU:C	1:A:15:PRO:HD2	2.14	0.67
1:A:17:LEU:HB3	1:A:152:PRO:CG	2.10	0.67
1:A:9:ILE:HG21	1:A:21:GLU:N	2.10	0.67
2:B:125:LEU:HD22	2:B:132:PHE:CE1	2.29	0.67
4:D:257:CYS:HB3	4:D:258:PRO:HD3	1.76	0.67
4:D:58:ALA:CB	4:D:65:LEU:HD22	2.25	0.67
1:A:462:LEU:HD13	1:A:463:ASP:H	1.60	0.67
1:A:81:ASN:OD1	1:A:95:THR:HG22	1.95	0.67
1:A:221:GLN:NE2	1:A:449:LEU:HD23	2.09	0.67

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:22:ALA:CB	4:D:348:SER:HB3	2.25	0.67
4:D:102:PRO:HB3	4:D:131:ALA:HB3	1.75	0.67
4:D:189:LEU:HD12	4:D:192:ILE:HD11	1.76	0.67
1:A:564:ASN:CA	1:A:582:VAL:HG11	2.19	0.67
1:A:729:LEU:CD2	1:A:781:ARG:HA	2.25	0.67
3:C:127:TYR:CE2	3:C:187:LYS:HG2	2.30	0.67
4:D:133:TYR:HB2	4:D:356:TRP:CE3	2.30	0.67
1:A:226:ASN:HB2	1:A:227:PRO:HD3	1.77	0.66
1:A:253:HIS:HA	1:A:458:PHE:CB	2.25	0.66
2:B:70:ALA:HA	2:B:73:LYS:CD	2.25	0.66
3:C:86:ASN:CB	3:C:91:LYS:HD3	2.24	0.66
4:E:143:TYR:HE2	4:E:346:LEU:HB2	1.60	0.66
1:A:13:ALA:HA	1:A:139:VAL:HG22	1.77	0.66
1:A:49:LYS:HD3	1:A:65:LEU:CD2	2.25	0.66
3:C:135:ARG:HD3	3:C:139:LYS:N	2.10	0.66
1:A:56:GLU:O	1:A:59:LYS:HD3	1.95	0.66
3:C:68:ILE:CD1	3:C:95:ASN:HB2	2.20	0.66
1:A:296:LYS:HB2	1:A:299:LEU:HD12	1.76	0.66
1:A:719:TYR:OH	1:A:762:PHE:HA	1.96	0.66
3:C:127:TYR:CD2	3:C:187:LYS:HG2	2.30	0.66
4:D:142:LEU:HD11	4:D:165:ILE:CD1	2.20	0.66
1:A:645:GLY:CA	4:D:23:GLY:HA2	2.25	0.66
4:D:287:ILE:CB	4:E:244:ASP:HB3	2.24	0.66
1:A:485:GLU:OE2	1:A:583:HIS:HB3	1.94	0.66
1:A:551:LYS:CD	1:A:555:TYR:HE2	2.08	0.66
1:A:557:GLN:O	1:A:561:LYS:HE2	1.94	0.66
3:C:135:ARG:HH11	3:C:141:GLY:H	1.42	0.66
3:C:91:LYS:HB2	3:C:95:ASN:CB	2.24	0.66
1:A:392:LEU:CD1	1:A:613:LYS:HB2	2.26	0.66
2:B:124:LEU:HA	2:B:128:GLN:OE1	1.95	0.66
3:C:127:TYR:O	3:C:130:PHE:HB3	1.95	0.66
4:D:357:ILE:HG12	4:D:370:VAL:CG2	2.21	0.66
1:A:39:PHE:CG	1:A:100:PRO:HG2	2.30	0.66
1:A:526:ILE:HD11	1:A:583:HIS:CE1	2.30	0.66
1:A:5:ALA:HB1	1:A:18:ARG:NH2	2.11	0.66
3:C:140:GLU:HB3	3:C:180:ILE:CD1	2.25	0.66
3:C:71:SER:HB2	3:C:91:LYS:HZ2	1.60	0.66
1:A:110:TYR:OH	1:A:128:PRO:HA	1.96	0.66
1:A:207:LYS:HE3	1:A:259:LYS:HB2	1.78	0.66
1:A:418:ASN:OD1	1:A:421:GLN:HB3	1.96	0.66
1:A:475:LEU:HA	1:A:595:TRP:CZ3	2.30	0.66

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:651:VAL:O	1:A:654:VAL:HG22	1.96	0.66
1:A:836:LEU:O	1:A:840:ILE:HG23	1.96	0.66
1:A:85:PHE:CD1	1:A:94:MET:HA	2.31	0.66
2:B:96:ASP:HB2	2:B:97:PRO:HD2	1.77	0.66
4:D:236:LEU:HB2	4:D:251:GLY:HA3	1.76	0.66
1:A:207:LYS:HD3	1:A:259:LYS:HG3	1.78	0.66
1:A:256:ALA:CA	1:A:456:GLN:HB2	2.25	0.66
1:A:567:LYS:CD	1:A:568:PRO:HD2	2.26	0.66
2:B:58:MET:HE3	2:B:60:ARG:HB2	1.77	0.66
4:D:328:LYS:HD3	4:D:330:ILE:HD11	1.77	0.66
1:A:256:ALA:H	1:A:456:GLN:HG3	1.60	0.65
3:C:135:ARG:HD3	3:C:140:GLU:H	1.61	0.65
4:D:116:ARG:HD3	4:D:370:VAL:CG1	2.27	0.65
1:A:118:TYR:CE2	1:A:153:PRO:HG3	2.31	0.65
1:A:13:ALA:HB2	1:A:139:VAL:HG22	1.78	0.65
1:A:205:LYS:CD	1:A:257:THR:HG21	2.25	0.65
3:C:58:LEU:CD1	3:C:65:ASP:HB2	2.25	0.65
1:A:380:THR:HG23	1:A:383:ALA:HB3	1.77	0.65
1:A:492:ASN:HB3	1:A:516:GLY:N	2.12	0.65
4:D:297:ASN:CB	4:D:329:ILE:HD13	2.25	0.65
4:E:32:PRO:HG3	4:E:59:GLN:NE2	2.12	0.65
1:A:104:TYR:CE1	1:A:108:GLU:HG3	2.30	0.65
1:A:12:GLU:O	1:A:15:PRO:HD2	1.96	0.65
1:A:253:HIS:HA	1:A:458:PHE:HB3	1.79	0.65
1:A:566:GLN:HG2	1:A:567:LYS:H	1.61	0.65
1:A:475:LEU:HD13	1:A:595:TRP:CE3	2.31	0.65
3:C:118:ILE:HG13	3:C:119:SER:OG	1.97	0.65
4:E:123:MET:HG3	4:E:132:MET:HE2	1.77	0.65
1:A:510:TRP:NE1	1:A:512:PHE:HB2	2.12	0.65
4:D:34:ILE:HA	4:D:68:LYS:O	1.97	0.65
1:A:173:GLN:O	1:A:459:ILE:HA	1.96	0.65
1:A:5:ALA:HB1	1:A:18:ARG:HH12	1.61	0.65
1:A:350:GLY:N	1:A:353:LYS:HG3	2.11	0.65
1:A:694:MET:CE	1:A:697:LEU:HD12	2.26	0.65
1:A:283:ARG:HD2	1:A:289:TYR:CD2	2.30	0.65
1:A:363:ASN:HB3	1:A:382:VAL:HG21	1.78	0.65
1:A:819:GLN:NE2	2:B:130:ASP:H	1.95	0.65
1:A:193:ILE:CG2	1:A:219:GLU:HB3	2.09	0.65
1:A:234:ASN:HD22	1:A:242:ASN:HD21	1.44	0.65
1:A:229:LEU:HD22	1:A:438:PHE:CE1	2.32	0.65
1:A:513:ILE:HG22	1:A:514:ASP:N	2.12	0.65

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:524:GLU:HA	1:A:527:GLU:HG2	1.79	0.65
4:D:101:HIS:O	4:D:129:VAL:HG12	1.96	0.65
4:D:134:VAL:O	4:D:375:PHE:HB3	1.95	0.65
4:D:42:GLY:O	4:D:43:VAL:HG12	1.97	0.65
4:E:153:LEU:HD11	4:E:274:ILE:HG21	1.78	0.65
1:A:27:ALA:HB1	1:A:87:LYS:HE2	1.79	0.65
1:A:406:VAL:HG22	1:A:412:TYR:O	1.97	0.65
1:A:261:ALA:HB3	1:A:455:ARG:NE	2.12	0.65
1:A:831:TRP:HE3	1:A:834:MET:CG	2.05	0.65
1:A:107:LYS:HA	1:A:688:MET:SD	2.37	0.65
1:A:799:TYR:HA	1:A:802:ARG:HH22	1.60	0.65
4:D:187:ASP:O	4:D:190:MET:HB2	1.97	0.65
4:D:341:ILE:O	4:D:344:SER:HB3	1.97	0.65
4:E:35:VAL:CG2	4:E:52:SER:HB2	2.25	0.65
1:A:39:PHE:CG	1:A:100:PRO:HB2	2.32	0.64
1:A:564:ASN:HA	1:A:582:VAL:CG1	2.19	0.64
3:C:150:LEU:O	3:C:154:LEU:HB2	1.95	0.64
3:C:170:MET:CE	3:C:186:VAL:HA	2.27	0.64
4:E:18:LYS:N	4:E:18:LYS:HD3	2.12	0.64
1:A:107:LYS:HD2	1:A:688:MET:CG	2.27	0.64
1:A:702:VAL:O	1:A:705:GLY:HA3	1.97	0.64
1:A:719:TYR:CZ	1:A:767:VAL:HB	2.32	0.64
3:C:180:ILE:HA	3:C:183:GLU:CG	2.27	0.64
3:C:68:ILE:HD12	3:C:95:ASN:CB	2.18	0.64
4:E:34:ILE:HD13	4:E:69:TYR:CE2	2.32	0.64
1:A:825:PHE:O	1:A:828:VAL:HG13	1.97	0.64
2:B:113:LYS:O	2:B:115:THR:HG23	1.97	0.64
1:A:255:GLY:HA3	1:A:259:LYS:HG2	1.79	0.64
1:A:238:VAL:N	1:A:282:GLU:HG3	2.12	0.64
1:A:811:ARG:CG	1:A:815:ILE:HD11	2.23	0.64
3:C:161:MET:O	3:C:165:GLU:HG2	1.98	0.64
1:A:39:PHE:HE1	1:A:49:LYS:CG	2.10	0.64
1:A:408:VAL:HG22	1:A:410:ASN:H	1.61	0.64
1:A:40:ALA:HB1	1:A:72:LEU:HD22	1.78	0.64
1:A:713:PHE:CD2	1:A:770:LYS:HD3	2.32	0.64
1:A:769:PHE:CD2	1:A:774:LEU:HD21	2.33	0.64
3:C:131:VAL:HG13	3:C:179:CYS:SG	2.37	0.64
4:D:189:LEU:CD2	4:D:209:VAL:HG13	2.26	0.64
4:E:102:PRO:CB	4:E:131:ALA:HB3	2.18	0.64
1:A:644:LYS:HG3	1:A:649:GLN:HA	1.80	0.64
1:A:787:THR:O	1:A:790:THR:HG22	1.97	0.64

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:790:THR:CG2	1:A:791:ARG:HD2	2.28	0.64
3:C:68:ILE:HG13	3:C:95:ASN:OD1	1.97	0.64
3:C:70:LEU:HD12	3:C:86:ASN:HD22	1.63	0.64
1:A:111:ALA:HA	1:A:686:GLY:CA	2.28	0.64
1:A:198:THR:O	1:A:201:VAL:HG23	1.98	0.64
1:A:407:LYS:HA	1:A:411:GLU:HA	1.79	0.64
1:A:551:LYS:HD2	1:A:555:TYR:CE2	2.31	0.64
3:C:131:VAL:HG13	3:C:179:CYS:HB2	1.78	0.64
4:D:218:TYR:O	4:D:255:PHE:HA	1.98	0.64
4:D:65:LEU:HD13	4:D:67:LEU:HD21	1.78	0.64
4:E:149:THR:HG22	4:E:150:GLY:N	2.12	0.64
1:A:99:GLU:O	1:A:102:VAL:HG22	1.98	0.64
1:A:207:LYS:HE2	1:A:453:GLN:CB	2.23	0.64
1:A:430:ALA:O	1:A:433:VAL:HG12	1.97	0.64
3:C:66:SER:HB3	3:C:68:ILE:HG22	1.80	0.64
4:E:178:LEU:CD2	4:E:180:LEU:HB3	2.27	0.64
4:E:294:TYR:CE1	4:E:321:ALA:HB2	2.33	0.64
1:A:295:LYS:HG2	1:A:332:LEU:N	2.12	0.64
1:A:40:ALA:HB1	1:A:72:LEU:HD21	1.80	0.64
3:C:131:VAL:CG1	3:C:179:CYS:HB2	2.27	0.64
1:A:261:ALA:HB3	1:A:455:ARG:CD	2.28	0.64
3:C:42:LYS:CE	3:C:113:PRO:HG3	2.28	0.64
1:A:271:GLU:OE1	1:A:274:ARG:HG2	1.97	0.63
1:A:93:MET:HA	1:A:93:MET:CE	2.28	0.63
3:C:67:LYS:HD3	3:C:92:VAL:HG13	1.78	0.63
4:D:91:TYR:O	4:D:95:ARG:HA	1.99	0.63
1:A:126:VAL:O	1:A:128:PRO:HD3	1.98	0.63
1:A:20:PRO:HD2	1:A:23:GLU:OE1	1.99	0.63
1:A:65:LEU:HD12	1:A:65:LEU:O	1.98	0.63
2:B:39:ASP:HA	2:B:50:ASP:OD2	1.98	0.63
1:A:795:LEU:HD23	3:C:80:LEU:HD21	1.79	0.63
1:A:19:LYS:CD	1:A:23:GLU:HB3	2.28	0.63
1:A:567:LYS:HG3	1:A:568:PRO:O	1.99	0.63
3:C:163:GLU:HG3	3:C:167:GLU:OE2	1.99	0.63
4:D:35:VAL:HG22	4:D:52:SER:HB2	1.80	0.63
4:E:310:ALA:HB1	4:E:329:ILE:CG2	2.28	0.63
1:A:47:TYR:HE2	1:A:78:PHE:CZ	2.17	0.63
1:A:406:VAL:HB	1:A:605:GLU:CD	2.18	0.63
1:A:793:GLN:NE2	3:C:157:LEU:H	1.96	0.63
1:A:837:PHE:HA	1:A:840:ILE:HG12	1.80	0.63
3:C:62:ARG:HB3	3:C:62:ARG:NH1	2.13	0.63

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:43:VAL:HG13	4:D:44:MET:N	2.14	0.63
4:D:38:PRO:HD3	4:D:49:GLN:HE22	1.62	0.63
4:E:104:LEU:HB2	4:E:356:TRP:CH2	2.32	0.63
2:B:61:LEU:HA	2:B:62:ASN:HB3	1.81	0.63
4:D:255:PHE:O	4:D:258:PRO:HD2	1.99	0.63
1:A:224:GLN:HB3	1:A:340:ILE:CD1	2.28	0.63
1:A:64:THR:HG22	1:A:65:LEU:N	2.14	0.63
3:C:91:LYS:HB2	3:C:95:ASN:CG	2.18	0.63
3:C:87:ALA:HB1	3:C:94:GLY:HA3	1.81	0.63
4:D:104:LEU:HB2	4:D:356:TRP:CZ3	2.33	0.63
1:A:360:HIS:C	1:A:382:VAL:HG11	2.19	0.63
1:A:526:ILE:HD11	1:A:583:HIS:HE1	1.62	0.63
3:C:91:LYS:HE2	3:C:95:ASN:CG	2.19	0.63
4:D:194:THR:HA	4:D:198:TYR:O	1.98	0.63
1:A:12:GLU:OE2	1:A:15:PRO:HG2	1.98	0.63
1:A:838:PHE:CD1	2:B:164:GLY:HA3	2.34	0.63
2:B:83:VAL:O	2:B:86:THR:HG22	1.99	0.63
1:A:144:ARG:HH22	1:A:199:ILE:CD1	2.10	0.63
1:A:415:LYS:HG3	1:A:416:GLY:H	1.62	0.63
1:A:588:VAL:HG11	1:A:590:TYR:CZ	2.34	0.63
1:A:475:LEU:HD22	1:A:595:TRP:HB3	1.81	0.63
1:A:797:ARG:HB2	1:A:797:ARG:CZ	2.29	0.63
2:B:147:ASP:HB3	2:B:152:VAL:HA	1.81	0.63
4:E:178:LEU:HG	4:E:180:LEU:N	2.14	0.63
1:A:349:VAL:HG22	1:A:353:LYS:HE3	1.81	0.62
1:A:47:TYR:HE2	1:A:78:PHE:CE1	2.17	0.62
2:B:102:THR:O	2:B:105:PHE:HB2	1.98	0.62
4:E:158:GLY:HA2	4:E:181:ALA:HB3	1.80	0.62
4:E:50:LYS:HG3	4:E:53:TYR:CE2	2.34	0.62
1:A:583:HIS:HB2	1:A:585:ALA:CB	2.29	0.62
1:A:833:TRP:HE1	2:B:71:MET:HG2	1.63	0.62
4:D:189:LEU:HA	4:D:192:ILE:CD1	2.28	0.62
4:D:58:ALA:O	4:D:65:LEU:HD21	1.97	0.62
4:E:120:THR:CB	4:E:367:PRO:HB3	2.23	0.62
1:A:207:LYS:HD3	1:A:259:LYS:CG	2.28	0.62
1:A:567:LYS:HD2	1:A:568:PRO:HD2	1.80	0.62
2:B:138:LYS:HA	2:B:141:TRP:HD1	1.63	0.62
3:C:70:LEU:HB3	3:C:91:LYS:HD2	1.80	0.62
4:E:43:VAL:HG13	4:E:44:MET:N	2.13	0.62
4:E:61:LYS:O	4:E:64:ILE:HG22	1.99	0.62
1:A:115:ILE:HD13	1:A:116:TYR:CE2	2.35	0.62

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:90:ASP:OD1	1:A:119:SER:HA	1.99	0.62
1:A:81:ASN:HD22	1:A:94:MET:HE3	1.64	0.62
4:E:155:SER:HB3	4:E:160:THR:CG2	2.30	0.62
4:E:257:CYS:HB3	4:E:258:PRO:HD3	1.81	0.62
1:A:519:LEU:CD2	1:A:584:TYR:HB3	2.28	0.62
1:A:546:THR:HG23	1:A:547:ASP:N	2.13	0.62
3:C:128:GLU:HA	3:C:183:GLU:OE1	1.99	0.62
1:A:368:GLN:HG3	1:A:376:GLU:HB3	1.82	0.62
1:A:424:ASN:ND2	1:A:602:PRO:HD2	2.14	0.62
1:A:488:GLN:HG3	1:A:584:TYR:CE2	2.35	0.62
3:C:67:LYS:HD2	3:C:101:MET:HB2	1.80	0.62
4:D:111:ASN:ND2	4:D:115:ASN:HB3	2.14	0.62
4:E:16:LEU:HB2	4:E:18:LYS:HZ2	1.64	0.62
4:E:39:ARG:HE	4:E:66:THR:CA	2.13	0.62
1:A:107:LYS:HD2	1:A:688:MET:HB2	1.82	0.62
1:A:210:GLN:HG3	1:A:211:PRO:HD2	1.80	0.62
1:A:722:PHE:CE1	1:A:726:TYR:HD2	2.17	0.62
1:A:364:MET:HG3	1:A:382:VAL:CG2	2.29	0.62
1:A:81:ASN:ND2	1:A:94:MET:HB3	2.15	0.62
3:C:128:GLU:HG3	3:C:180:ILE:CG2	2.29	0.62
3:C:127:TYR:CE2	3:C:187:LYS:HE2	2.32	0.62
1:A:264:ASP:C	1:A:265:ILE:HD12	2.20	0.62
1:A:795:LEU:HD23	3:C:187:LYS:NZ	2.14	0.62
3:C:67:LYS:HD2	3:C:92:VAL:HG13	1.81	0.62
4:D:99:GLU:HA	4:D:128:ASN:O	2.00	0.62
1:A:779:GLU:O	1:A:782:ASP:HB2	1.99	0.61
2:B:27:GLN:O	2:B:30:GLU:HB3	2.00	0.61
2:B:81:PHE:O	2:B:84:PHE:HB3	1.99	0.61
1:A:289:TYR:HA	1:A:292:MET:HE2	1.81	0.61
1:A:176:LEU:HD12	1:A:673:PHE:HA	1.80	0.61
1:A:799:TYR:HE1	3:C:169:LEU:HD12	1.64	0.61
1:A:98:HIS:O	1:A:101:ALA:HB3	1.99	0.61
2:B:93:LYS:HG2	2:B:94:GLY:N	2.14	0.61
4:D:208:ILE:HG22	4:D:209:VAL:N	2.15	0.61
4:D:321:ALA:HB1	4:D:322:PRO:CD	2.30	0.61
4:D:334:GLU:HA	4:D:334:GLU:OE2	1.99	0.61
1:A:193:ILE:HD13	1:A:219:GLU:HB3	1.82	0.61
1:A:295:LYS:CG	1:A:331:LEU:HD22	2.28	0.61
1:A:1:MET:C	1:A:2:SER:O	2.38	0.61
1:A:729:LEU:HD22	1:A:781:ARG:HA	1.81	0.61
1:A:804:GLU:HB3	1:A:808:MET:CE	2.30	0.61

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:299:MET:HE1	4:D:309:ILE:CG2	2.30	0.61
4:D:39:ARG:HE	4:D:66:THR:CA	2.09	0.61
4:E:362:TYR:HE1	4:E:367:PRO:CG	2.13	0.61
1:A:91:MET:HE1	1:A:105:ASN:HB3	1.82	0.61
1:A:166:MET:HE3	1:A:254:PHE:CB	2.30	0.61
1:A:42:ASP:CB	1:A:48:VAL:HG23	2.28	0.61
1:A:639:LYS:NZ	4:D:4:GLU:HB3	2.14	0.61
3:C:70:LEU:HB3	3:C:91:LYS:HE3	1.82	0.61
4:D:250:ILE:HG12	4:D:251:GLY:N	2.14	0.61
4:E:210:ARG:HH11	4:E:210:ARG:HG2	1.65	0.61
1:A:166:MET:O	1:A:170:ARG:HA	2.01	0.61
1:A:715:SER:HB3	1:A:774:LEU:HD11	1.81	0.61
1:A:220:ASP:O	1:A:223:ILE:HG13	2.01	0.61
1:A:39:PHE:HD1	1:A:49:LYS:HA	1.66	0.61
1:A:607:VAL:HG12	1:A:611:TYR:CD1	2.36	0.61
4:D:299:MET:CE	4:D:309:ILE:HG21	2.31	0.61
1:A:167:LEU:HD23	1:A:167:LEU:N	2.14	0.61
1:A:348:LYS:O	1:A:351:ILE:HG22	2.00	0.61
1:A:59:LYS:HD3	1:A:59:LYS:O	2.01	0.61
1:A:789:MET:HE2	3:C:130:PHE:CZ	2.36	0.61
3:C:47:LYS:HG2	3:C:48:GLU:N	2.15	0.61
3:C:91:LYS:C	3:C:95:ASN:HB3	2.20	0.61
4:D:37:ARG:HG2	4:D:38:PRO:CD	2.30	0.61
4:E:180:LEU:HD21	4:E:261:LEU:HD23	1.83	0.61
1:A:703:LEU:O	1:A:706:ILE:HB	2.01	0.61
3:C:42:LYS:HG3	3:C:46:SER:HB3	1.83	0.61
4:D:158:GLY:HA3	4:D:183:ARG:NE	2.16	0.61
4:E:236:LEU:HD13	4:E:251:GLY:HA3	1.82	0.61
1:A:163:TYR:CE2	1:A:199:ILE:CG2	2.83	0.61
1:A:161:ASN:HA	1:A:164:GLN:OE1	2.01	0.61
1:A:194:GLN:O	1:A:197:ALA:HB3	2.01	0.61
1:A:519:LEU:HD13	1:A:584:TYR:HB3	1.82	0.61
1:A:578:HIS:NE2	1:A:591:ASN:HA	2.16	0.61
1:A:54:SER:O	1:A:60:VAL:HG13	2.00	0.61
2:B:96:ASP:HB2	2:B:100:VAL:HG11	1.82	0.61
3:C:47:LYS:HE3	3:C:109:GLU:OE2	2.01	0.61
1:A:154:HIS:CD2	1:A:156:PHE:HD2	2.18	0.61
1:A:360:HIS:O	1:A:382:VAL:HG11	2.01	0.61
1:A:474:SER:HA	1:A:595:TRP:HZ2	1.66	0.61
3:C:166:VAL:HG23	3:C:167:GLU:N	2.16	0.61
3:C:70:LEU:HD12	3:C:86:ASN:ND2	2.16	0.61

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:259:GLU:HG3	4:D:263:GLN:HG3	1.81	0.61
4:D:365:ALA:HB3	4:D:369:ILE:HB	1.82	0.61
1:A:154:HIS:NE2	1:A:156:PHE:HD2	1.99	0.60
1:A:832:PRO:O	1:A:836:LEU:HG	2.00	0.60
3:C:157:LEU:O	3:C:157:LEU:HD22	2.01	0.60
4:E:189:LEU:HD13	4:E:192:ILE:HD11	1.82	0.60
1:A:13:ALA:CA	1:A:139:VAL:HG22	2.31	0.60
1:A:406:VAL:HG11	1:A:414:THR:CG2	2.31	0.60
1:A:415:LYS:HB2	4:D:333:PRO:HG2	1.82	0.60
4:D:34:ILE:C	4:D:54:VAL:HG11	2.21	0.60
4:D:116:ARG:HD2	4:D:371:HIS:ND1	2.16	0.60
1:A:303:LEU:HD22	1:A:305:ILE:HG12	1.81	0.60
1:A:475:LEU:HA	1:A:595:TRP:CH2	2.36	0.60
1:A:717:ILE:HG22	1:A:718:LEU:N	2.16	0.60
2:B:96:ASP:OD1	2:B:101:ILE:HG13	2.00	0.60
4:D:160:THR:HB	4:D:178:LEU:HB3	1.82	0.60
4:D:144:ALA:HB2	4:D:342:GLY:H	1.67	0.60
4:E:136:ILE:HB	4:E:139:VAL:HB	1.83	0.60
1:A:115:ILE:O	1:A:126:VAL:HG22	2.01	0.60
1:A:149:GLN:HG2	1:A:150:GLU:N	2.15	0.60
1:A:428:ALA:HA	1:A:431:LYS:CE	2.32	0.60
1:A:91:MET:SD	1:A:106:LEU:HD11	2.41	0.60
2:B:108:LEU:HD21	2:B:124:LEU:CD2	2.31	0.60
2:B:147:ASP:HB2	2:B:151:ASN:O	2.02	0.60
3:C:116:GLN:HG2	3:C:117:ALA:HA	1.82	0.60
1:A:45:GLU:O	1:A:46:MET:HB2	1.99	0.60
4:D:200:PHE:HA	4:D:205:GLU:OE1	2.00	0.60
1:A:24:ARG:HH22	1:A:28:GLN:HB3	1.66	0.60
1:A:224:GLN:HB3	1:A:340:ILE:HD13	1.82	0.60
3:C:58:LEU:HD12	3:C:65:ASP:OD2	2.01	0.60
4:D:158:GLY:CA	4:D:183:ARG:HD2	2.31	0.60
4:D:3:ASP:O	4:D:4:GLU:HB2	2.01	0.60
1:A:360:HIS:CB	1:A:382:VAL:HG13	2.20	0.60
1:A:525:LEU:HD11	1:A:558:HIS:CE1	2.36	0.60
1:A:535:ILE:HD12	1:A:557:GLN:HE22	1.66	0.60
2:B:137:ILE:CD1	2:B:141:TRP:HE1	2.12	0.60
2:B:51:LEU:CB	2:B:68:LEU:HD11	2.30	0.60
4:D:133:TYR:OH	4:D:375:PHE:HB2	2.02	0.60
4:D:300:SER:HA	4:D:335:ARG:HG3	1.82	0.60
1:A:295:LYS:HG2	1:A:332:LEU:HA	1.82	0.60
1:A:424:ASN:HD21	1:A:600:LYS:HG2	1.67	0.60

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:451:THR:C	1:A:452:LYS:HE2	2.22	0.60
1:A:814:SER:O	1:A:818:ILE:HG12	2.01	0.60
3:C:68:ILE:HD13	3:C:97:SER:O	2.02	0.60
4:E:236:LEU:HD12	4:E:237:GLU:CG	2.32	0.60
4:E:257:CYS:CB	4:E:258:PRO:HD3	2.31	0.60
4:E:35:VAL:HG22	4:E:52:SER:CB	2.27	0.60
1:A:166:MET:SD	1:A:254:PHE:HB2	2.42	0.60
1:A:368:GLN:HG3	1:A:376:GLU:HB2	1.84	0.60
1:A:56:GLU:HG2	1:A:57:ASN:HB2	1.84	0.60
4:E:103:THR:HG21	4:E:105:LEU:HD21	1.83	0.60
4:E:106:THR:HG22	4:E:140:LEU:HD11	1.83	0.60
4:E:106:THR:CG2	4:E:140:LEU:HD11	2.32	0.60
4:E:180:LEU:CD2	4:E:261:LEU:HD23	2.32	0.60
1:A:254:PHE:O	1:A:455:ARG:HB2	2.01	0.60
1:A:726:TYR:O	1:A:729:LEU:HG	2.02	0.60
2:B:52:ARG:HG2	2:B:68:LEU:HD22	1.82	0.60
3:C:162:LYS:HB3	3:C:162:LYS:HZ3	1.67	0.60
3:C:183:GLU:HG3	3:C:184:ALA:N	2.16	0.60
4:D:22:ALA:HB1	4:D:348:SER:CB	2.29	0.60
1:A:659:LEU:HD11	1:A:663:MET:HE3	1.84	0.59
1:A:729:LEU:N	1:A:729:LEU:HD23	2.16	0.59
1:A:831:TRP:CD1	1:A:832:PRO:HD2	2.37	0.59
1:A:833:TRP:CA	1:A:836:LEU:HD12	2.14	0.59
1:A:793:GLN:OE1	3:C:156:THR:HG22	2.02	0.59
4:D:171:LEU:HD13	4:D:285:CYS:SG	2.43	0.59
4:E:99:GLU:HA	4:E:128:ASN:O	2.02	0.59
1:A:22:LYS:O	1:A:25:ILE:HG13	2.02	0.59
1:A:296:LYS:HD2	1:A:331:LEU:CD1	2.29	0.59
1:A:32:PHE:CE2	1:A:82:PRO:HA	2.37	0.59
1:A:42:ASP:HB2	1:A:48:VAL:CG2	2.32	0.59
1:A:484:ASN:HA	1:A:487:LEU:HD12	1.85	0.59
1:A:103:LEU:HD11	1:A:688:MET:HB2	1.83	0.59
1:A:821:ASN:O	1:A:824:ALA:HB3	2.03	0.59
2:B:58:MET:N	2:B:59:GLY:HA2	2.17	0.59
4:D:18:LYS:HA	4:D:29:ALA:O	2.02	0.59
4:D:358:THR:OG1	4:D:361:GLU:HG3	2.03	0.59
4:E:196:ARG:NH2	4:E:251:GLY:H	2.00	0.59
4:E:299:MET:SD	4:E:304:THR:HB	2.42	0.59
1:A:295:LYS:NZ	1:A:332:LEU:HA	2.05	0.59
1:A:45:GLU:O	1:A:690:HIS:HB2	2.01	0.59
3:C:185:PHE:O	3:C:188:HIS:HB3	2.03	0.59

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:157:ASP:HA	5:D:401:ADP:H4'	1.83	0.59
1:A:232:PHE:O	1:A:285:TYR:HB3	2.01	0.59
1:A:252:ILE:O	1:A:458:PHE:HB2	2.01	0.59
1:A:495:MET:HE1	1:A:708:ILE:HG21	1.81	0.59
1:A:535:ILE:HD12	1:A:557:GLN:OE1	2.03	0.59
3:C:131:VAL:HG11	3:C:180:ILE:N	2.18	0.59
3:C:67:LYS:CA	3:C:67:LYS:HE2	2.27	0.59
4:D:210:ARG:HG2	4:D:210:ARG:HH11	1.67	0.59
1:A:16:TYR:HB2	1:A:134:VAL:CG2	2.32	0.59
1:A:195:TYR:O	1:A:198:THR:HG22	2.03	0.59
1:A:234:ASN:N	1:A:245:ARG:HG2	2.17	0.59
3:C:142:ASN:H	3:C:177:ASN:H	1.48	0.59
4:D:18:LYS:N	4:D:18:LYS:HD3	2.17	0.59
4:E:133:TYR:HB2	4:E:356:TRP:CE3	2.38	0.59
4:E:216:LEU:HD13	4:E:250:ILE:HG21	1.84	0.59
4:E:133:TYR:OH	4:E:375:PHE:HB2	2.02	0.59
4:E:39:ARG:HE	4:E:66:THR:HA	1.67	0.59
1:A:109:ARG:HB3	1:A:114:MET:HB2	1.85	0.59
1:A:351:ILE:O	1:A:355:THR:HG23	2.03	0.59
1:A:261:ALA:HB3	1:A:455:ARG:HE	1.67	0.59
1:A:515:PHE:CE1	1:A:711:LYS:HE3	2.38	0.59
2:B:46:ILE:HG12	2:B:79:ILE:O	2.02	0.59
1:A:130:LYS:CE	1:A:132:LEU:HD11	2.33	0.59
1:A:296:LYS:HG3	1:A:300:ILE:HG23	1.85	0.59
1:A:361:TYR:HE1	1:A:386:ALA:CB	2.15	0.59
1:A:656:ARG:HG2	1:A:656:ARG:HH11	1.68	0.59
3:C:135:ARG:O	3:C:136:VAL:HG12	2.02	0.59
3:C:98:ASN:HB3	3:C:99:GLU:CA	2.33	0.59
4:E:287:ILE:HA	4:E:290:ARG:CD	2.33	0.59
1:A:207:LYS:CD	1:A:259:LYS:CB	2.76	0.59
1:A:59:LYS:H	1:A:59:LYS:HD2	1.67	0.59
4:D:210:ARG:HG2	4:D:210:ARG:NH1	2.18	0.59
4:D:357:ILE:HA	4:D:361:GLU:OE2	2.02	0.59
1:A:419:VAL:HG13	1:A:420:GLN:N	2.18	0.59
1:A:175:ILE:CD1	1:A:461:VAL:HG22	2.23	0.59
1:A:694:MET:HA	1:A:694:MET:CE	2.30	0.59
2:B:164:GLY:O	2:B:165:ASP:HB3	2.02	0.59
3:C:190:MET:HE3	3:C:190:MET:O	2.02	0.59
3:C:42:LYS:CA	3:C:43:ILE:HB	2.20	0.59
3:C:86:ASN:O	3:C:91:LYS:HG2	2.03	0.59
3:C:91:LYS:O	3:C:94:GLY:HA2	2.03	0.59

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:129:TYR:CE2	1:A:683:LYS:HB3	2.38	0.58
2:B:50:ASP:HA	2:B:53:ASP:OD2	2.03	0.58
1:A:792:THR:HA	3:C:127:TYR:HE1	1.67	0.58
3:C:142:ASN:HB3	3:C:179:CYS:SG	2.43	0.58
4:E:120:THR:HB	4:E:367:PRO:CB	2.26	0.58
4:E:250:ILE:CD1	4:E:253:GLU:HB2	2.33	0.58
1:A:349:VAL:HG13	1:A:350:GLY:N	2.18	0.58
1:A:727:ARG:HH11	1:A:745:ALA:HB1	1.68	0.58
1:A:814:SER:HA	2:B:104:ALA:HB1	1.85	0.58
2:B:35:PHE:CE1	2:B:46:ILE:HG23	2.38	0.58
4:D:8:LEU:HB2	4:D:103:THR:OG1	2.03	0.58
4:D:99:GLU:O	4:D:130:PRO:HG3	2.03	0.58
1:A:115:ILE:CG2	1:A:128:PRO:HG3	2.32	0.58
1:A:228:LEU:HD13	1:A:228:LEU:O	2.03	0.58
1:A:406:VAL:HB	1:A:605:GLU:OE1	2.02	0.58
1:A:816:PHE:CD2	1:A:820:TYR:HE2	2.21	0.58
3:C:180:ILE:CA	3:C:183:GLU:HG2	2.32	0.58
3:C:42:LYS:HD2	3:C:47:LYS:HA	1.82	0.58
4:D:153:LEU:HD21	4:D:274:ILE:CD1	2.26	0.58
4:E:372:ARG:HG2	4:E:372:ARG:HH11	1.67	0.58
4:E:34:ILE:HA	4:E:68:LYS:O	2.02	0.58
1:A:158:ILE:HA	1:A:161:ASN:ND2	2.18	0.58
1:A:175:ILE:HD12	1:A:461:VAL:HG13	1.82	0.58
1:A:220:ASP:CA	1:A:223:ILE:HG13	2.33	0.58
1:A:421:GLN:HE21	1:A:422:VAL:CG1	2.14	0.58
1:A:255:GLY:N	1:A:455:ARG:HA	2.18	0.58
3:C:115:LEU:HD22	3:C:115:LEU:O	2.03	0.58
3:C:42:LYS:HE2	3:C:113:PRO:CG	2.32	0.58
1:A:302:LEU:HD23	1:A:353:LYS:HE3	1.86	0.58
1:A:811:ARG:O	1:A:815:ILE:HG13	2.03	0.58
2:B:26:THR:O	2:B:27:GLN:HB2	2.02	0.58
4:D:218:TYR:O	4:D:258:PRO:HG2	2.02	0.58
4:E:180:LEU:CD1	4:E:184:ASP:HB2	2.33	0.58
1:A:137:PRO:HA	1:A:140:VAL:HG23	1.85	0.58
1:A:154:HIS:HD2	1:A:156:PHE:H	1.51	0.58
1:A:289:TYR:HA	1:A:292:MET:CE	2.33	0.58
1:A:348:LYS:HA	1:A:351:ILE:HG22	1.85	0.58
1:A:377:PRO:CG	1:A:398:LEU:HD22	2.31	0.58
1:A:380:THR:CG2	1:A:383:ALA:HB3	2.33	0.58
1:A:618:LEU:HG	1:A:622:LEU:HD11	1.85	0.58
1:A:677:LEU:HD23	1:A:678:ILE:O	2.04	0.58

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:81:ASN:HD21	1:A:95:THR:N	2.01	0.58
1:A:839:LYS:HE2	2:B:60:ARG:HH12	1.68	0.58
3:C:42:LYS:HG2	3:C:43:ILE:O	2.04	0.58
4:E:238:LYS:HD3	4:E:254:ARG:NH1	2.17	0.58
4:E:22:ALA:HB1	4:E:348:SER:HB2	1.84	0.58
4:E:47:MET:CG	4:E:48:GLY:H	2.15	0.58
1:A:256:ALA:H	1:A:259:LYS:HE2	1.69	0.58
2:B:167:LYS:HB3	2:B:168:ASP:C	2.24	0.58
3:C:135:ARG:CG	3:C:138:ASP:H	2.15	0.58
3:C:144:THR:HG23	3:C:145:VAL:N	2.18	0.58
3:C:128:GLU:HA	3:C:183:GLU:CD	2.24	0.58
4:D:43:VAL:HG22	4:D:44:MET:H	1.69	0.58
1:A:128:PRO:HG2	1:A:132:LEU:CD2	2.34	0.58
1:A:205:LYS:HG3	1:A:206:LYS:H	1.68	0.58
1:A:408:VAL:HG23	1:A:409:GLY:N	2.18	0.58
1:A:426:VAL:HG23	1:A:427:GLY:N	2.19	0.58
1:A:462:LEU:CD1	1:A:464:ILE:HG22	2.34	0.58
1:A:749:LEU:CD1	1:A:753:ILE:HD11	2.33	0.58
3:C:146:MET:O	3:C:149:GLU:HG3	2.04	0.58
4:E:210:ARG:HG2	4:E:210:ARG:NH1	2.18	0.58
1:A:12:GLU:CD	1:A:133:PRO:HG2	2.24	0.58
2:B:29:GLN:O	2:B:32:LYS:HB3	2.04	0.58
1:A:789:MET:HE3	3:C:130:PHE:CE1	2.39	0.58
4:D:148:THR:HG22	4:D:149:THR:N	2.16	0.58
1:A:170:ARG:HD2	1:A:256:ALA:O	2.02	0.58
1:A:304:LEU:O	1:A:305:ILE:HD13	2.04	0.58
4:D:236:LEU:O	4:D:251:GLY:HA3	2.04	0.58
4:D:26:ALA:HB1	4:D:27:PRO:HD2	1.85	0.58
4:D:299:MET:HE1	4:D:309:ILE:CD1	2.33	0.58
4:E:287:ILE:HA	4:E:290:ARG:NE	2.19	0.58
4:E:34:ILE:HG21	4:E:67:LEU:HB3	1.86	0.58
1:A:12:GLU:HG3	1:A:133:PRO:HB2	1.85	0.57
1:A:246:PHE:HA	1:A:269:LEU:HD13	1.85	0.57
1:A:522:CYS:SG	1:A:583:HIS:HA	2.44	0.57
1:A:102:VAL:CG2	1:A:694:MET:HE1	2.31	0.57
1:A:839:LYS:CE	2:B:60:ARG:HH12	2.16	0.57
4:D:107:GLU:O	4:D:137:GLN:HG3	2.04	0.57
4:D:326:LYS:O	4:D:327:ILE:HD12	2.03	0.57
4:E:300:SER:HB3	4:E:335:ARG:NE	2.18	0.57
4:E:336:LYS:CE	5:E:401:ADP:H5'2	2.34	0.57
1:A:2:SER:O	1:A:3:SER:HB2	2.04	0.57

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:418:ASN:O	1:A:422:VAL:HG13	2.04	0.57
1:A:523:ILE:HD13	1:A:523:ILE:H	1.69	0.57
3:C:47:LYS:HG3	3:C:109:GLU:OE1	2.05	0.57
4:E:110:LEU:HD23	4:E:110:LEU:N	2.19	0.57
1:A:36:LYS:N	1:A:36:LYS:HD3	2.17	0.57
4:D:64:ILE:HG23	4:D:65:LEU:N	2.20	0.57
4:E:34:ILE:HB	4:E:54:VAL:HG21	1.87	0.57
1:A:222:ILE:N	1:A:222:ILE:HD13	2.19	0.57
1:A:205:LYS:HB3	1:A:257:THR:CG2	2.34	0.57
1:A:332:LEU:C	1:A:332:LEU:HD12	2.25	0.57
1:A:713:PHE:CE2	1:A:770:LYS:HG2	2.39	0.57
4:D:336:LYS:CE	5:D:401:ADP:H5'2	2.34	0.57
4:E:139:VAL:HG12	4:E:140:LEU:N	2.18	0.57
4:E:34:ILE:HG22	4:E:35:VAL:N	2.19	0.57
1:A:396:GLU:HG2	1:A:610:LEU:HD21	1.87	0.57
3:C:54:LYS:HZ1	3:C:73:VAL:CG2	2.17	0.57
4:E:365:ALA:HB3	4:E:369:ILE:HB	1.85	0.57
4:E:5:THR:HG23	4:E:6:THR:O	2.04	0.57
1:A:250:ILE:O	1:A:250:ILE:HG23	2.04	0.57
1:A:610:LEU:HD13	1:A:610:LEU:O	2.05	0.57
1:A:656:ARG:HG2	1:A:656:ARG:NH1	2.19	0.57
1:A:793:GLN:OE1	3:C:155:ALA:HB3	2.03	0.57
4:D:287:ILE:HG12	4:D:288:ASP:OD1	2.04	0.57
4:E:244:ASP:OD2	4:E:246:GLN:HG3	2.03	0.57
4:E:321:ALA:HB1	4:E:322:PRO:HD2	1.86	0.57
4:E:34:ILE:C	4:E:54:VAL:HG21	2.24	0.57
1:A:39:PHE:CE1	1:A:100:PRO:HB2	2.40	0.57
1:A:110:TYR:CZ	1:A:685:PRO:HA	2.39	0.57
1:A:514:ASP:HB3	1:A:517:MET:CE	2.34	0.57
3:C:67:LYS:HD2	3:C:101:MET:HB3	1.87	0.57
4:E:208:ILE:HD11	4:E:243:PRO:HG2	1.85	0.57
1:A:115:ILE:HD13	1:A:116:TYR:CD2	2.40	0.57
3:C:57:PHE:CD2	3:C:69:THR:HG21	2.39	0.57
4:D:37:ARG:H	4:D:66:THR:HG23	1.70	0.57
4:D:37:ARG:HG3	4:D:51:ASP:OD1	2.04	0.57
1:A:172:ASN:OD1	1:A:457:TYR:HA	2.05	0.57
1:A:292:MET:SD	1:A:315:VAL:HG11	2.45	0.57
1:A:38:CYS:HB3	1:A:78:PHE:O	2.04	0.57
1:A:464:ILE:HG12	1:A:465:ALA:H	1.70	0.57
1:A:567:LYS:HG3	1:A:568:PRO:N	2.18	0.57
1:A:617:LYS:N	1:A:617:LYS:HD3	2.20	0.57

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:789:MET:HE2	3:C:130:PHE:HZ	1.69	0.57
3:C:71:SER:HA	3:C:86:ASN:HD21	1.70	0.57
1:A:226:ASN:O	1:A:230:GLU:HG2	2.05	0.57
1:A:551:LYS:HG2	1:A:555:TYR:HE2	1.69	0.57
3:C:139:LYS:O	3:C:140:GLU:HB2	2.04	0.57
3:C:151:ARG:HG3	3:C:163:GLU:OE1	2.04	0.57
3:C:98:ASN:CB	3:C:99:GLU:HA	2.29	0.57
4:D:250:ILE:HD13	4:D:254:ARG:HG2	1.86	0.57
1:A:407:LYS:HG3	1:A:408:VAL:H	1.69	0.56
2:B:134:GLN:O	2:B:137:ILE:HG22	2.04	0.56
2:B:70:ALA:HA	2:B:73:LYS:HE3	1.84	0.56
4:D:352:PHE:O	4:D:355:MET:HG2	2.05	0.56
1:A:143:TYR:HE2	1:A:151:ALA:CB	2.18	0.56
1:A:364:MET:SD	1:A:382:VAL:HB	2.44	0.56
1:A:533:PHE:O	1:A:537:GLU:HG3	2.05	0.56
1:A:790:THR:HG22	1:A:791:ARG:CD	2.34	0.56
1:A:94:MET:HE2	1:A:96:HIS:O	2.05	0.56
1:A:19:LYS:HD3	1:A:23:GLU:HB2	1.84	0.56
1:A:349:VAL:C	1:A:353:LYS:HG3	2.26	0.56
1:A:422:VAL:HG23	1:A:423:THR:N	2.18	0.56
1:A:506:GLU:HB3	1:A:508:ILE:CD1	2.34	0.56
4:E:38:PRO:HD3	4:E:49:GLN:HE22	1.69	0.56
1:A:290:GLN:O	1:A:331:LEU:HD12	2.05	0.56
4:E:189:LEU:HG	4:E:209:VAL:CG1	2.34	0.56
3:C:135:ARG:HH11	3:C:139:LYS:HB3	1.69	0.56
4:E:238:LYS:HD3	4:E:254:ARG:HH12	1.70	0.56
4:E:309:ILE:HG23	4:E:310:ALA:N	2.21	0.56
1:A:485:GLU:HG2	1:A:584:TYR:CE1	2.39	0.56
1:A:607:VAL:O	1:A:611:TYR:HD1	1.89	0.56
1:A:515:PHE:CE1	1:A:711:LYS:HG2	2.39	0.56
1:A:811:ARG:HG2	1:A:815:ILE:CG1	2.36	0.56
2:B:124:LEU:HD12	2:B:125:LEU:N	2.21	0.56
3:C:128:GLU:HG3	3:C:180:ILE:HG21	1.86	0.56
3:C:76:VAL:HG12	3:C:77:LEU:N	2.19	0.56
4:D:31:PHE:HB2	4:D:32:PRO:HD2	1.87	0.56
4:E:194:THR:HA	4:E:198:TYR:O	2.05	0.56
2:B:58:MET:CE	2:B:60:ARG:HB2	2.35	0.56
1:A:789:MET:HE3	3:C:130:PHE:HE1	1.71	0.56
4:E:287:ILE:HA	4:E:290:ARG:HD2	1.88	0.56
4:E:54:VAL:HG12	4:E:55:GLY:N	2.19	0.56
4:E:57:GLU:O	4:E:61:LYS:HB2	2.05	0.56

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:233:GLY:O	1:A:234:ASN:HB2	2.04	0.56
1:A:249:PHE:HD1	1:A:462:LEU:CD2	2.18	0.56
1:A:264:ASP:HA	1:A:446:ASN:OD1	2.06	0.56
1:A:80:MET:HG2	1:A:81:ASN:N	2.20	0.56
4:D:37:ARG:O	4:D:66:THR:HG23	2.06	0.56
4:E:172:PRO:HA	4:E:175:ILE:CD1	2.35	0.56
4:E:140:LEU:HD13	4:E:343:GLY:HA2	1.83	0.56
4:E:104:LEU:HB2	4:E:356:TRP:HH2	1.69	0.56
1:A:170:ARG:NH2	1:A:256:ALA:HB1	2.21	0.56
1:A:305:ILE:HD12	1:A:312:PHE:CZ	2.40	0.56
1:A:553:LYS:NZ	4:D:351:THR:HG21	2.21	0.56
2:B:28:ILE:HG22	2:B:85:LEU:HD22	1.87	0.56
4:D:154:ASP:CB	4:D:300:SER:HB3	2.34	0.56
4:E:34:ILE:HG22	4:E:35:VAL:H	1.71	0.56
1:A:255:GLY:HA3	1:A:259:LYS:CG	2.35	0.56
1:A:238:VAL:HG23	1:A:282:GLU:OE2	2.06	0.56
1:A:245:ARG:CG	1:A:285:TYR:HE1	2.18	0.56
1:A:396:GLU:CG	1:A:610:LEU:HD21	2.36	0.56
1:A:39:PHE:CD1	1:A:49:LYS:HA	2.41	0.56
1:A:483:THR:O	1:A:487:LEU:HG	2.06	0.56
1:A:648:PHE:HA	1:A:649:GLN:NE2	2.21	0.56
1:A:755:VAL:HG23	1:A:760:TYR:HE1	1.71	0.56
1:A:822:ILE:O	1:A:825:PHE:HB3	2.04	0.56
4:E:153:LEU:HD11	4:E:274:ILE:HG22	1.88	0.56
4:E:372:ARG:HG2	4:E:372:ARG:NH1	2.21	0.56
4:E:47:MET:HG3	4:E:48:GLY:N	2.19	0.56
1:A:406:VAL:CG1	1:A:605:GLU:HB2	2.33	0.56
2:B:55:PHE:HA	2:B:58:MET:HB3	1.87	0.56
3:C:47:LYS:HA	3:C:50:GLN:OE1	2.06	0.56
4:D:164:PRO:HG2	4:D:174:ALA:CB	2.35	0.56
4:D:151:ILE:HD12	4:D:164:PRO:HG3	1.87	0.56
4:D:34:ILE:CA	4:D:54:VAL:HG11	2.35	0.56
4:E:285:CYS:HB3	4:E:289:ILE:HD11	1.87	0.56
1:A:16:TYR:HD2	1:A:115:ILE:HG13	1.71	0.55
1:A:246:PHE:C	1:A:269:LEU:HD11	2.27	0.55
1:A:497:VAL:HG12	1:A:501:GLU:OE1	2.06	0.55
1:A:684:THR:O	1:A:687:VAL:HG12	2.05	0.55
1:A:722:PHE:CZ	1:A:777:LEU:HD11	2.40	0.55
2:B:46:ILE:HG13	2:B:46:ILE:O	2.06	0.55
4:D:116:ARG:HH12	4:D:375:PHE:HA	1.72	0.55
4:E:78:ASN:O	4:E:82:MET:HB2	2.06	0.55

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:E:99:GLU:O	4:E:130:PRO:HG3	2.06	0.55
1:A:110:TYR:OH	1:A:685:PRO:HA	2.06	0.55
1:A:269:LEU:N	1:A:269:LEU:HD12	2.21	0.55
1:A:584:TYR:N	1:A:584:TYR:CD1	2.74	0.55
1:A:735:PRO:HB2	1:A:739:PHE:CD2	2.42	0.55
1:A:47:TYR:CE2	1:A:78:PHE:CE1	2.94	0.55
2:B:65:ASN:HB3	2:B:66:GLU:HG2	1.85	0.55
3:C:170:MET:HE1	3:C:186:VAL:HG23	1.87	0.55
1:A:795:LEU:HD23	3:C:80:LEU:CD2	2.36	0.55
1:A:170:ARG:NE	1:A:256:ALA:HB1	2.21	0.55
2:B:68:LEU:O	2:B:71:MET:HB2	2.06	0.55
2:B:79:ILE:HG23	2:B:79:ILE:O	2.06	0.55
3:C:183:GLU:HG3	3:C:184:ALA:H	1.71	0.55
4:D:220:ALA:CB	4:D:226:GLU:HG3	2.35	0.55
1:A:163:TYR:CZ	1:A:167:LEU:HD11	2.41	0.55
1:A:17:LEU:CD1	1:A:152:PRO:HB2	2.36	0.55
1:A:260:LEU:HD13	1:A:260:LEU:O	2.06	0.55
1:A:536:LEU:HA	1:A:550:PHE:CE1	2.41	0.55
1:A:439:LEU:O	1:A:439:LEU:HD13	2.07	0.55
1:A:475:LEU:HD22	1:A:595:TRP:CD2	2.41	0.55
1:A:607:VAL:HG12	1:A:611:TYR:CE1	2.41	0.55
1:A:659:LEU:HD11	1:A:663:MET:CE	2.37	0.55
1:A:694:MET:CA	1:A:694:MET:HE2	2.34	0.55
3:C:104:LYS:HB3	3:C:104:LYS:NZ	2.22	0.55
4:E:35:VAL:CA	4:E:54:VAL:HG21	2.36	0.55
4:E:35:VAL:N	4:E:54:VAL:HG21	2.21	0.55
1:A:128:PRO:HG2	1:A:132:LEU:HD23	1.87	0.55
1:A:245:ARG:HH22	1:A:274:ARG:HE	1.55	0.55
1:A:291:ILE:HG23	1:A:296:LYS:NZ	2.22	0.55
1:A:390:MET:O	1:A:615:ALA:HB2	2.07	0.55
1:A:565:PHE:CE2	1:A:579:PHE:CD2	2.95	0.55
1:A:583:HIS:HB2	1:A:585:ALA:HB3	1.88	0.55
2:B:39:ASP:HA	2:B:46:ILE:HG22	1.88	0.55
4:E:123:MET:CE	4:E:123:MET:HA	2.37	0.55
4:E:123:MET:HG3	4:E:132:MET:CE	2.36	0.55
1:A:104:TYR:CZ	1:A:108:GLU:HG3	2.41	0.55
1:A:107:LYS:HD2	1:A:688:MET:CB	2.36	0.55
4:D:34:ILE:HG21	4:D:67:LEU:CB	2.32	0.55
4:E:300:SER:HA	4:E:335:ARG:NE	2.21	0.55
1:A:143:TYR:HE2	1:A:151:ALA:HB3	1.72	0.55
1:A:426:VAL:O	1:A:429:LEU:HB3	2.07	0.55

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:474:SER:HA	1:A:595:TRP:CZ2	2.41	0.55
1:A:392:LEU:HD22	1:A:614:SER:CB	2.35	0.55
1:A:816:PHE:CD2	1:A:820:TYR:CE2	2.95	0.55
1:A:818:ILE:O	1:A:822:ILE:HG23	2.07	0.55
4:E:358:THR:OG1	4:E:361:GLU:HG3	2.07	0.55
1:A:175:ILE:C	1:A:175:ILE:HD12	2.26	0.55
1:A:167:LEU:HD13	1:A:257:THR:O	2.07	0.55
1:A:167:LEU:CD2	1:A:258:GLY:HA3	2.35	0.55
1:A:644:LYS:CG	1:A:649:GLN:HA	2.36	0.55
4:D:124:PHE:CD2	4:D:362:TYR:CG	2.95	0.55
4:E:106:THR:HG21	4:E:140:LEU:CD1	2.37	0.55
4:E:8:LEU:HB2	4:E:103:THR:OG1	2.07	0.55
1:A:166:MET:HE3	1:A:254:PHE:CG	2.42	0.55
1:A:32:PHE:CD2	1:A:83:PRO:HD3	2.41	0.55
4:E:208:ILE:O	4:E:212:ILE:HD12	2.07	0.55
1:A:283:ARG:HH22	1:A:325:ILE:CD1	2.20	0.54
1:A:249:PHE:CD1	1:A:462:LEU:HD23	2.42	0.54
4:E:316:GLU:OE1	4:E:316:GLU:HA	2.07	0.54
4:E:36:GLY:HA2	4:E:66:THR:HG23	1.87	0.54
1:A:338:ILE:O	1:A:341:LEU:HD12	2.07	0.54
1:A:835:ASN:O	1:A:839:LYS:HD3	2.08	0.54
2:B:115:THR:HG21	2:B:154:TYR:CZ	2.42	0.54
2:B:82:THR:O	2:B:85:LEU:HB2	2.07	0.54
4:E:158:GLY:CA	4:E:181:ALA:HB3	2.38	0.54
1:A:221:GLN:NE2	1:A:449:LEU:HA	2.22	0.54
1:A:780:MET:HA	1:A:783:GLU:CG	2.37	0.54
2:B:108:LEU:HD11	2:B:124:LEU:CD2	2.33	0.54
3:C:136:VAL:O	3:C:136:VAL:HG13	2.06	0.54
4:D:158:GLY:HA2	4:D:181:ALA:HB3	1.89	0.54
4:E:3:ASP:O	4:E:4:GLU:HG3	2.07	0.54
4:E:45:VAL:O	4:E:45:VAL:HG13	2.08	0.54
4:E:65:LEU:C	4:E:65:LEU:HD12	2.28	0.54
1:A:136:ASN:HB2	1:A:139:VAL:HG23	1.89	0.54
1:A:283:ARG:HB2	1:A:289:TYR:CZ	2.42	0.54
1:A:338:ILE:CG2	1:A:348:LYS:HD2	2.24	0.54
1:A:418:ASN:HB2	1:A:420:GLN:NE2	2.23	0.54
3:C:118:ILE:HG23	3:C:118:ILE:O	2.07	0.54
3:C:131:VAL:HG13	3:C:179:CYS:CB	2.38	0.54
4:D:121:GLN:HA	4:D:362:TYR:OH	2.07	0.54
4:E:148:THR:HG23	4:E:149:THR:N	2.22	0.54
4:E:182:GLY:HA2	4:E:185:LEU:HG	1.90	0.54

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:E:193:LEU:HD22	4:E:198:TYR:HD2	1.73	0.54
1:A:296:LYS:HG2	1:A:331:LEU:HD11	1.86	0.54
1:A:253:HIS:CA	1:A:458:PHE:HB3	2.36	0.54
2:B:159:TYR:O	2:B:159:TYR:HD2	1.91	0.54
4:D:154:ASP:HA	4:D:300:SER:CB	2.22	0.54
4:D:261:LEU:HD23	4:D:261:LEU:N	2.22	0.54
4:E:282:ILE:HA	4:E:285:CYS:SG	2.47	0.54
4:E:37:ARG:H	4:E:66:THR:HG22	1.70	0.54
1:A:176:LEU:CD1	1:A:675:ARG:HH21	2.21	0.54
1:A:205:LYS:CB	1:A:257:THR:HG21	2.36	0.54
1:A:255:GLY:HA3	1:A:259:LYS:CE	2.38	0.54
1:A:645:GLY:N	4:D:23:GLY:HA2	2.21	0.54
1:A:722:PHE:HZ	1:A:777:LEU:HD11	1.73	0.54
4:E:157:ASP:OD1	5:E:401:ADP:H3'	2.08	0.54
4:E:172:PRO:HA	4:E:175:ILE:HD12	1.90	0.54
4:E:286:ASP:O	4:E:290:ARG:HG3	2.07	0.54
1:A:207:LYS:HZ3	1:A:453:GLN:CG	2.20	0.54
1:A:291:ILE:CG1	1:A:296:LYS:HZ2	2.18	0.54
1:A:308:ASN:OD1	1:A:310:PHE:HB3	2.08	0.54
1:A:365:LYS:HB2	1:A:378:ASP:HB3	1.89	0.54
1:A:715:SER:CB	1:A:774:LEU:HD11	2.37	0.54
3:C:42:LYS:HZ1	3:C:47:LYS:HB2	1.72	0.54
4:E:107:GLU:OE1	4:E:116:ARG:HG3	2.07	0.54
4:E:34:ILE:HG13	4:E:54:VAL:CG1	2.37	0.54
1:A:19:LYS:HG3	1:A:114:MET:HE2	1.90	0.54
1:A:407:LYS:O	1:A:408:VAL:HG12	2.07	0.54
1:A:500:GLN:O	1:A:504:LYS:HG2	2.08	0.54
1:A:694:MET:HE1	1:A:697:LEU:CD1	2.37	0.54
3:C:106:ILE:C	3:C:106:ILE:HD13	2.27	0.54
3:C:77:LEU:C	3:C:77:LEU:HD23	2.28	0.54
3:C:80:LEU:CD2	3:C:187:LYS:HZ3	2.21	0.54
4:D:311:ASP:O	4:D:314:GLN:HB3	2.08	0.54
4:D:121:GLN:HB2	4:D:362:TYR:OH	2.07	0.54
4:E:101:HIS:O	4:E:130:PRO:HD2	2.08	0.54
1:A:16:TYR:OH	1:A:132:LEU:HD12	2.08	0.54
1:A:236:LYS:C	1:A:236:LYS:HD3	2.28	0.54
1:A:287:ILE:HA	1:A:290:GLN:HG3	1.88	0.54
1:A:340:ILE:HG23	1:A:341:LEU:N	2.23	0.54
1:A:408:VAL:HG23	1:A:409:GLY:H	1.73	0.54
1:A:644:LYS:HZ2	1:A:649:GLN:HB3	1.73	0.54
1:A:645:GLY:O	1:A:646:SER:HB2	2.08	0.54

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:C:106:ILE:HA	3:C:109:GLU:CG	2.38	0.54
3:C:150:LEU:C	3:C:150:LEU:HD13	2.28	0.54
4:E:250:ILE:HG23	4:E:250:ILE:O	2.08	0.54
4:E:365:ALA:HB2	4:E:369:ILE:HD12	1.88	0.54
1:A:155:ILE:CD1	1:A:191:ARG:HB3	2.38	0.54
1:A:236:LYS:HA	1:A:241:ASP:O	2.07	0.54
1:A:364:MET:HG3	1:A:382:VAL:CB	2.37	0.54
2:B:52:ARG:NH1	2:B:64:LYS:HG2	2.22	0.54
4:D:211:ASP:OD1	4:D:215:LYS:HD2	2.08	0.54
4:E:34:ILE:HG23	4:E:67:LEU:HB3	1.90	0.54
1:A:433:VAL:HG13	1:A:434:TYR:N	2.22	0.53
1:A:455:ARG:C	1:A:456:GLN:HG2	2.15	0.53
1:A:554:LEU:O	1:A:557:GLN:HG2	2.08	0.53
1:A:723:LYS:HB3	1:A:723:LYS:NZ	2.23	0.53
1:A:524:GLU:OE2	1:A:528:LYS:HB3	2.08	0.53
1:A:205:LYS:CB	1:A:257:THR:CG2	2.86	0.53
1:A:526:ILE:HG22	1:A:533:PHE:CD1	2.43	0.53
1:A:535:ILE:HD13	1:A:553:LYS:HE2	1.90	0.53
1:A:600:LYS:HB3	1:A:600:LYS:NZ	2.22	0.53
3:C:192:ILE:O	3:C:193:ASP:HB2	2.08	0.53
3:C:54:LYS:HZ1	3:C:73:VAL:HG21	1.72	0.53
4:D:106:THR:HG22	4:D:140:LEU:HD11	1.90	0.53
1:A:332:LEU:HD12	1:A:333:ALA:CA	2.37	0.53
1:A:694:MET:HE1	1:A:697:LEU:HD12	1.91	0.53
1:A:804:GLU:HB3	1:A:808:MET:HE2	1.89	0.53
4:D:136:ILE:HB	4:D:139:VAL:HB	1.91	0.53
1:A:103:LEU:CD1	1:A:107:LYS:HB2	2.39	0.53
1:A:249:PHE:CE2	1:A:251:ARG:HG2	2.44	0.53
1:A:380:THR:HG23	1:A:398:LEU:HD11	1.89	0.53
1:A:39:PHE:HZ	1:A:80:MET:HE1	1.72	0.53
1:A:482:PHE:HZ	1:A:527:GLU:HB3	1.72	0.53
1:A:610:LEU:HD13	1:A:610:LEU:C	2.28	0.53
2:B:74:GLU:HG3	2:B:74:GLU:O	2.09	0.53
3:C:135:ARG:HD3	3:C:139:LYS:H	1.72	0.53
4:D:180:LEU:HD12	4:D:181:ALA:N	2.23	0.53
1:A:347:GLU:O	1:A:350:GLY:HA3	2.08	0.53
1:A:677:LEU:HG	1:A:696:GLN:OE1	2.09	0.53
1:A:822:ILE:HD12	1:A:822:ILE:C	2.28	0.53
1:A:801:MET:HG2	3:C:72:GLN:HB3	1.91	0.53
4:D:200:PHE:CD1	4:D:209:VAL:HG23	2.44	0.53
1:A:578:HIS:CD2	1:A:578:HIS:H	2.25	0.53

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:644:LYS:CG	1:A:649:GLN:HG3	2.39	0.53
4:D:157:ASP:HB2	5:D:401:ADP:PB	2.49	0.53
1:A:255:GLY:HA3	1:A:259:LYS:CD	2.38	0.53
1:A:405:ARG:H	1:A:606:THR:CG2	2.21	0.53
1:A:790:THR:HG22	1:A:791:ARG:HH11	1.73	0.53
3:C:134:LEU:CD2	3:C:150:LEU:HG	2.36	0.53
3:C:163:GLU:O	3:C:166:VAL:HG22	2.09	0.53
4:D:16:LEU:HD23	4:D:32:PRO:HA	1.89	0.53
1:A:176:LEU:HD13	1:A:675:ARG:NH2	2.24	0.53
1:A:272:LYS:O	1:A:275:VAL:HB	2.09	0.53
1:A:544:LYS:HD2	4:D:148:THR:OG1	2.08	0.53
2:B:126:ILE:HG23	2:B:127:THR:N	2.24	0.53
2:B:81:PHE:HA	2:B:84:PHE:HB3	1.90	0.53
3:C:71:SER:HB2	3:C:86:ASN:ND2	2.24	0.53
4:D:186:THR:HG21	4:D:206:ARG:CZ	2.39	0.53
1:A:559:LEU:HD12	1:A:560:GLY:N	2.24	0.53
1:A:79:PRO:HB2	1:A:96:HIS:CD2	2.44	0.53
2:B:108:LEU:HD21	2:B:120:PHE:HE2	1.74	0.53
2:B:83:VAL:C	2:B:86:THR:HG22	2.27	0.53
2:B:96:ASP:HB2	2:B:97:PRO:CD	2.39	0.53
2:B:97:PRO:HD2	2:B:100:VAL:HG11	1.90	0.53
4:D:143:TYR:CE2	4:D:346:LEU:HD13	2.43	0.53
4:D:169:TYR:CE1	4:E:42:GLY:HA3	2.44	0.53
1:A:220:ASP:O	1:A:224:GLN:HG3	2.09	0.52
1:A:238:VAL:HG12	1:A:239:ARG:N	2.24	0.52
1:A:312:PHE:O	1:A:316:SER:HB2	2.09	0.52
1:A:338:ILE:O	1:A:338:ILE:HD13	2.09	0.52
1:A:642:LYS:CG	1:A:643:LYS:H	2.21	0.52
3:C:106:ILE:HA	3:C:109:GLU:HG2	1.90	0.52
4:E:105:LEU:O	4:E:134:VAL:HA	2.09	0.52
4:E:39:ARG:NE	4:E:66:THR:HA	2.24	0.52
4:E:42:GLY:O	4:E:43:VAL:HG12	2.08	0.52
1:A:291:ILE:HG23	1:A:296:LYS:HZ2	1.74	0.52
1:A:254:PHE:HB2	1:A:457:TYR:O	2.10	0.52
1:A:600:LYS:C	1:A:602:PRO:HD3	2.29	0.52
1:A:765:THR:OG1	1:A:766:LYS:HG2	2.08	0.52
2:B:45:ILE:O	2:B:45:ILE:HG12	2.08	0.52
3:C:140:GLU:O	3:C:178:GLY:HA2	2.08	0.52
4:E:58:ALA:O	4:E:65:LEU:HD21	2.09	0.52
1:A:175:ILE:O	1:A:461:VAL:HA	2.08	0.52
1:A:88:ILE:HD11	1:A:93:MET:HB3	1.92	0.52

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:B:160:VAL:CA	2:B:165:ASP:HB2	2.40	0.52
3:C:140:GLU:CD	3:C:180:ILE:HG12	2.29	0.52
3:C:68:ILE:HG23	3:C:69:THR:N	2.25	0.52
4:D:104:LEU:C	4:D:104:LEU:HD23	2.29	0.52
1:A:544:LYS:HD2	4:D:148:THR:CB	2.38	0.52
4:D:290:ARG:HH11	4:E:244:ASP:HB2	1.69	0.52
4:E:79:TRP:CZ2	4:E:118:LYS:HB3	2.44	0.52
1:A:205:LYS:HD3	1:A:257:THR:OG1	2.10	0.52
1:A:363:ASN:HB3	1:A:382:VAL:CG2	2.40	0.52
2:B:108:LEU:HD21	2:B:120:PHE:CE2	2.44	0.52
2:B:159:TYR:O	2:B:165:ASP:HA	2.08	0.52
4:D:335:ARG:NH2	4:D:338:SER:HB2	2.24	0.52
4:E:31:PHE:HB2	4:E:32:PRO:HD2	1.91	0.52
1:A:519:LEU:CD1	1:A:584:TYR:HB3	2.38	0.52
1:A:659:LEU:HD12	1:A:663:MET:HG2	1.92	0.52
2:B:58:MET:HE3	2:B:60:ARG:NE	2.25	0.52
3:C:67:LYS:CD	3:C:101:MET:HB3	2.40	0.52
1:A:805:PHE:CE1	3:C:53:PHE:CD1	2.98	0.52
4:D:53:TYR:O	4:D:54:VAL:HB	2.09	0.52
4:E:124:PHE:CE2	4:E:362:TYR:HB2	2.44	0.52
1:A:122:PHE:HE1	1:A:673:PHE:HB2	1.70	0.52
1:A:14:ALA:HB2	1:A:18:ARG:HD2	1.88	0.52
1:A:255:GLY:HA2	1:A:456:GLN:CG	2.39	0.52
1:A:287:ILE:O	1:A:291:ILE:HD13	2.08	0.52
1:A:283:ARG:HH22	1:A:325:ILE:HD13	1.74	0.52
1:A:729:LEU:HD21	1:A:781:ARG:CA	2.40	0.52
2:B:135:GLU:O	2:B:138:LYS:HB3	2.10	0.52
2:B:167:LYS:HB3	2:B:168:ASP:CA	2.38	0.52
4:E:206:ARG:HG2	4:E:206:ARG:NH1	2.23	0.52
4:E:370:VAL:HG22	4:E:375:PHE:C	2.30	0.52
1:A:5:ALA:HB1	1:A:18:ARG:HH22	1.74	0.52
1:A:228:LEU:HD13	1:A:228:LEU:C	2.30	0.52
1:A:617:LYS:O	1:A:621:PHE:HD2	1.92	0.52
1:A:760:TYR:CE2	1:A:762:PHE:CE1	2.96	0.52
1:A:818:ILE:HG21	2:B:125:LEU:HD21	1.92	0.52
1:A:833:TRP:CZ2	2:B:71:MET:HG2	2.44	0.52
4:D:120:THR:CB	4:D:367:PRO:HB3	2.31	0.52
4:D:61:LYS:HG2	4:D:64:ILE:HG21	1.92	0.52
4:E:336:LYS:HE2	5:E:401:ADP:C5'	2.38	0.52
1:A:107:LYS:CA	1:A:688:MET:HG3	2.39	0.52
1:A:73:ASN:O	1:A:77:VAL:HG13	2.10	0.52

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:91:MET:HE2	1:A:102:VAL:CA	2.36	0.52
2:B:137:ILE:HG23	2:B:138:LYS:N	2.24	0.52
2:B:48:LYS:NZ	2:B:69:ASP:HB3	2.25	0.52
4:D:180:LEU:HD21	4:D:261:LEU:HD22	1.92	0.52
4:E:58:ALA:HB1	4:E:65:LEU:CD2	2.40	0.52
1:A:228:LEU:HB2	1:A:337:ALA:HB1	1.90	0.52
1:A:361:TYR:CE1	1:A:386:ALA:CB	2.93	0.52
1:A:405:ARG:HG2	1:A:413:VAL:HG23	1.92	0.52
1:A:417:GLN:HG2	1:A:421:GLN:NE2	2.24	0.52
1:A:805:PHE:HA	1:A:808:MET:HE2	1.88	0.52
3:C:54:LYS:NZ	3:C:73:VAL:HG21	2.25	0.52
3:C:92:VAL:H	3:C:95:ASN:CB	2.19	0.52
4:E:299:MET:CE	4:E:309:ILE:HG12	2.40	0.52
1:A:268:TYR:C	1:A:269:LEU:HD12	2.30	0.52
1:A:643:LYS:O	1:A:644:LYS:HG2	2.10	0.52
1:A:107:LYS:CD	1:A:688:MET:HG3	2.40	0.52
1:A:85:PHE:HD1	1:A:94:MET:HA	1.75	0.52
3:C:41:ILE:HG12	3:C:42:LYS:N	2.25	0.52
4:D:169:TYR:CE1	4:E:42:GLY:CA	2.93	0.52
4:D:287:ILE:CG2	4:E:244:ASP:HB3	2.40	0.52
4:E:250:ILE:HD11	4:E:253:GLU:HB2	1.91	0.52
4:E:299:MET:SD	4:E:309:ILE:HG12	2.49	0.52
4:E:59:GLN:O	4:E:62:ARG:HG3	2.09	0.52
1:A:795:LEU:HD11	3:C:186:VAL:O	2.10	0.51
1:A:825:PHE:HA	1:A:828:VAL:HG13	1.92	0.51
2:B:124:LEU:HD12	2:B:124:LEU:C	2.30	0.51
3:C:44:GLU:O	3:C:48:GLU:HB3	2.10	0.51
4:D:10:CYS:HB2	4:D:19:ALA:HB2	1.92	0.51
4:D:17:VAL:O	4:D:30:VAL:HA	2.10	0.51
4:E:153:LEU:CD1	4:E:274:ILE:HG22	2.40	0.51
4:E:18:LYS:HG3	4:E:30:VAL:HG13	1.92	0.51
1:A:137:PRO:HA	1:A:140:VAL:CG2	2.40	0.51
1:A:230:GLU:HB2	1:A:234:ASN:ND2	2.25	0.51
1:A:644:LYS:NZ	1:A:649:GLN:HB3	2.24	0.51
2:B:144:PHE:HA	2:B:145:SER:OG	2.10	0.51
4:D:164:PRO:HG2	4:D:174:ALA:HB1	1.92	0.51
1:A:530:MET:CE	4:D:351:THR:HG22	2.41	0.51
4:E:178:LEU:HD13	4:E:271:SER:CB	2.40	0.51
1:A:249:PHE:HD1	1:A:462:LEU:HD22	1.74	0.51
1:A:639:LYS:HZ2	4:D:4:GLU:HB3	1.75	0.51
1:A:828:VAL:HG22	1:A:829:LYS:N	2.24	0.51

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:837:PHE:CA	1:A:840:ILE:HG12	2.40	0.51
1:A:822:ILE:HG12	2:B:132:PHE:CE2	2.45	0.51
1:A:564:ASN:O	1:A:582:VAL:HG12	2.09	0.51
3:C:83:ASN:CB	3:C:84:PRO:HD3	2.36	0.51
4:D:103:THR:HG22	4:D:105:LEU:HD23	1.92	0.51
4:D:236:LEU:HB2	4:D:251:GLY:CA	2.40	0.51
1:A:166:MET:HE3	1:A:258:GLY:HA2	1.93	0.51
1:A:531:GLY:O	1:A:535:ILE:HG13	2.10	0.51
1:A:582:VAL:HG13	1:A:582:VAL:O	2.10	0.51
1:A:84:LYS:HD3	1:A:778:GLU:OE2	2.11	0.51
3:C:54:LYS:NZ	3:C:73:VAL:HG11	2.25	0.51
4:D:141:SER:HA	4:D:338:SER:O	2.11	0.51
4:D:336:LYS:HE2	5:D:401:ADP:C5'	2.38	0.51
4:E:34:ILE:HG22	4:E:68:LYS:H	1.76	0.51
1:A:47:TYR:HB3	1:A:100:PRO:HG3	1.90	0.51
1:A:129:TYR:CZ	1:A:683:LYS:HB3	2.46	0.51
1:A:12:GLU:CG	1:A:133:PRO:HB2	2.41	0.51
1:A:508:ILE:CD1	1:A:768:PHE:CE1	2.94	0.51
1:A:103:LEU:CD2	1:A:690:HIS:HD2	2.12	0.51
1:A:88:ILE:HD13	1:A:93:MET:HB2	1.93	0.51
3:C:149:GLU:O	3:C:153:VAL:HG23	2.11	0.51
1:A:333:ALA:O	1:A:336:ASN:HB3	2.10	0.51
1:A:677:LEU:HD21	1:A:696:GLN:NE2	2.26	0.51
1:A:698:ARG:HG2	1:A:703:LEU:CD1	2.41	0.51
1:A:71:THR:HG23	1:A:71:THR:O	2.10	0.51
1:A:73:ASN:HB3	1:A:76:GLN:HB3	1.92	0.51
1:A:790:THR:HA	1:A:793:GLN:OE1	2.11	0.51
1:A:27:ALA:HB1	1:A:87:LYS:HG2	1.93	0.51
1:A:249:PHE:CD2	1:A:251:ARG:HG2	2.46	0.51
1:A:34:SER:HB2	1:A:779:GLU:OE1	2.10	0.51
1:A:600:LYS:CG	1:A:602:PRO:HD3	2.41	0.51
1:A:617:LYS:H	1:A:617:LYS:HD3	1.74	0.51
1:A:773:LEU:O	1:A:773:LEU:HD13	2.11	0.51
1:A:795:LEU:HD12	3:C:186:VAL:HG13	1.93	0.51
2:B:160:VAL:HA	2:B:165:ASP:HB2	1.93	0.51
4:D:157:ASP:OD1	5:D:401:ADP:H3'	2.11	0.51
4:D:69:TYR:HB2	4:D:72:GLU:HA	1.92	0.51
1:A:332:LEU:HD12	1:A:333:ALA:HA	1.93	0.51
1:A:484:ASN:O	1:A:487:LEU:HB2	2.11	0.51
1:A:537:GLU:HG2	1:A:652:SER:OG	2.11	0.51
1:A:613:LYS:HD3	1:A:613:LYS:H	1.76	0.51

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:392:LEU:HD21	1:A:614:SER:HB3	1.93	0.51
1:A:639:LYS:HB3	1:A:639:LYS:HZ2	1.75	0.51
1:A:9:ILE:HA	1:A:18:ARG:CZ	2.41	0.51
4:D:103:THR:O	4:D:132:MET:HA	2.11	0.51
1:A:143:TYR:CE2	1:A:151:ALA:CB	2.94	0.51
1:A:237:THR:C	1:A:282:GLU:HG3	2.30	0.51
1:A:268:TYR:CD1	1:A:268:TYR:N	2.79	0.51
1:A:445:ILE:HG23	1:A:449:LEU:CD1	2.38	0.51
2:B:100:VAL:O	2:B:103:GLY:HA3	2.10	0.51
2:B:147:ASP:OD1	2:B:152:VAL:HG22	2.11	0.51
2:B:161:ILE:O	2:B:164:GLY:HA2	2.10	0.51
2:B:58:MET:HE3	2:B:60:ARG:NH1	2.26	0.51
3:C:170:MET:SD	3:C:186:VAL:HA	2.50	0.51
4:D:7:ALA:HB1	4:D:356:TRP:CH2	2.47	0.51
4:E:58:ALA:HA	4:E:65:LEU:CD2	2.40	0.51
1:A:283:ARG:NH2	1:A:325:ILE:HD13	2.27	0.50
2:B:167:LYS:HB3	2:B:168:ASP:O	2.12	0.50
2:B:71:MET:O	2:B:74:GLU:HG2	2.11	0.50
3:C:122:LYS:O	3:C:187:LYS:HE3	2.11	0.50
4:D:287:ILE:HG22	4:D:290:ARG:NH1	2.25	0.50
1:A:128:PRO:HB3	1:A:130:LYS:NZ	2.26	0.50
1:A:16:TYR:HH	1:A:113:TRP:HE3	1.59	0.50
1:A:176:LEU:O	1:A:177:ILE:HD13	2.11	0.50
1:A:790:THR:HG22	1:A:791:ARG:HD2	1.92	0.50
1:A:822:ILE:HD11	2:B:132:PHE:CE2	2.43	0.50
3:C:69:THR:HB	3:C:73:VAL:CG2	2.39	0.50
4:E:162:ASN:ND2	4:E:278:THR:HA	2.26	0.50
4:E:190:MET:CE	4:E:206:ARG:HG3	2.40	0.50
1:A:115:ILE:CD1	1:A:116:TYR:CD2	2.95	0.50
1:A:420:GLN:CD	1:A:420:GLN:H	2.14	0.50
1:A:564:ASN:CA	1:A:582:VAL:CG1	2.87	0.50
1:A:603:LEU:HB2	1:A:648:PHE:HB2	1.93	0.50
1:A:822:ILE:HG12	2:B:132:PHE:HZ	1.71	0.50
3:C:113:PRO:C	3:C:116:GLN:HB3	2.31	0.50
1:A:254:PHE:HB3	1:A:259:LYS:O	2.12	0.50
1:A:415:LYS:CD	4:D:333:PRO:HG2	2.41	0.50
1:A:791:ARG:O	1:A:794:ALA:HB3	2.11	0.50
2:B:55:PHE:CD2	2:B:62:ASN:HB2	2.47	0.50
3:C:105:LYS:HD3	3:C:106:ILE:HA	1.93	0.50
4:D:8:LEU:H	4:D:103:THR:HA	1.76	0.50
4:E:285:CYS:CB	4:E:289:ILE:HD11	2.41	0.50

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:118:TYR:CD2	1:A:153:PRO:HG3	2.47	0.50
1:A:17:LEU:HG	1:A:143:TYR:OH	2.10	0.50
1:A:296:LYS:CB	1:A:331:LEU:HD11	2.42	0.50
1:A:551:LYS:CG	1:A:555:TYR:HE2	2.23	0.50
1:A:91:MET:CE	1:A:105:ASN:HB3	2.40	0.50
2:B:42:ARG:NH1	2:B:42:ARG:HG2	2.27	0.50
3:C:108:PHE:CE1	3:C:112:LEU:CD2	2.95	0.50
3:C:112:LEU:O	3:C:116:GLN:HB2	2.12	0.50
4:E:211:ASP:OD2	4:E:215:LYS:HE3	2.11	0.50
4:E:58:ALA:HB1	4:E:65:LEU:HD22	1.92	0.50
1:A:603:LEU:HD23	1:A:648:PHE:CD2	2.47	0.50
1:A:776:LEU:O	1:A:780:MET:HG3	2.12	0.50
3:C:87:ALA:CB	3:C:94:GLY:HA3	2.41	0.50
3:C:68:ILE:HD13	3:C:97:SER:C	2.31	0.50
4:D:58:ALA:HA	4:D:65:LEU:CD2	2.42	0.50
4:D:70:PRO:HG2	4:D:85:ILE:CD1	2.42	0.50
1:A:159:SER:CB	1:A:195:TYR:CG	2.93	0.50
1:A:205:LYS:HZ2	1:A:257:THR:HG21	1.77	0.50
1:A:166:MET:CE	1:A:254:PHE:CG	2.95	0.50
1:A:603:LEU:CD2	1:A:648:PHE:CD2	2.95	0.50
1:A:755:VAL:CG1	1:A:773:LEU:HD21	2.41	0.50
1:A:88:ILE:HD11	1:A:93:MET:CB	2.42	0.50
1:A:815:ILE:HD13	2:B:129:CYS:SG	2.52	0.50
4:E:240:TYR:O	4:E:247:VAL:HG13	2.12	0.50
4:E:294:TYR:CD1	4:E:327:ILE:CD1	2.95	0.50
1:A:154:HIS:HE2	1:A:156:PHE:HD2	1.60	0.50
1:A:167:LEU:HD21	1:A:258:GLY:CA	2.39	0.50
1:A:232:PHE:HB3	1:A:434:TYR:OH	2.12	0.50
1:A:46:MET:HE1	1:A:46:MET:HA	1.94	0.50
1:A:557:GLN:HG2	1:A:558:HIS:H	1.77	0.50
1:A:601:ASP:N	1:A:602:PRO:HD3	2.27	0.50
1:A:724:GLN:HG3	1:A:725:ARG:N	2.25	0.50
2:B:137:ILE:HD13	2:B:141:TRP:NE1	2.22	0.50
2:B:41:ASN:HB3	2:B:45:ILE:O	2.12	0.50
3:C:144:THR:HG23	3:C:145:VAL:H	1.75	0.50
4:D:10:CYS:HA	4:D:19:ALA:HA	1.94	0.50
4:D:279:TYR:HB2	4:D:320:LEU:HD13	1.93	0.50
4:D:335:ARG:HH21	4:D:338:SER:CB	2.25	0.50
4:E:45:VAL:O	4:E:45:VAL:HG22	2.11	0.50
1:A:17:LEU:HD13	1:A:152:PRO:HB2	1.94	0.50
1:A:292:MET:SD	1:A:309:PRO:HA	2.52	0.50

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:646:SER:O	1:A:647:SER:HB2	2.12	0.50
1:A:844:LEU:N	1:A:844:LEU:HD22	2.27	0.50
1:A:220:ASP:C	1:A:223:ILE:HG13	2.32	0.49
1:A:343:PHE:CE2	1:A:441:MET:SD	3.05	0.49
1:A:520:ALA:O	1:A:523:ILE:HG12	2.12	0.49
1:A:838:PHE:CE1	2:B:164:GLY:CA	2.95	0.49
1:A:839:LYS:HE2	2:B:60:ARG:NH1	2.26	0.49
4:D:107:GLU:HG3	4:D:111:ASN:HB2	1.94	0.49
4:E:89:THR:HG22	4:E:94:LEU:HD12	1.93	0.49
1:A:205:LYS:HD3	1:A:257:THR:CG2	2.43	0.49
1:A:296:LYS:N	1:A:297:PRO:HD3	2.27	0.49
1:A:544:LYS:HD2	4:D:148:THR:HB	1.93	0.49
1:A:512:PHE:HZ	1:A:711:LYS:O	1.94	0.49
1:A:755:VAL:CG2	1:A:760:TYR:CE1	2.95	0.49
2:B:70:ALA:HA	2:B:73:LYS:HD3	1.93	0.49
4:D:140:LEU:HD13	4:D:343:GLY:N	2.27	0.49
4:D:26:ALA:HB1	4:D:27:PRO:CD	2.42	0.49
4:D:7:ALA:HB3	4:D:347:ALA:HB1	1.94	0.49
1:A:207:LYS:CE	1:A:453:GLN:HB3	2.29	0.49
3:C:104:LYS:HB3	3:C:104:LYS:HZ1	1.76	0.49
1:A:185:LYS:O	1:A:189:THR:HG23	2.12	0.49
1:A:361:TYR:HE1	1:A:386:ALA:HB1	1.78	0.49
1:A:761:ARG:HH11	1:A:761:ARG:HG2	1.76	0.49
2:B:152:VAL:HG12	2:B:153:ASP:N	2.26	0.49
4:D:148:THR:HG22	4:D:149:THR:CB	2.43	0.49
4:D:255:PHE:C	4:D:258:PRO:HD2	2.33	0.49
4:E:38:PRO:CD	4:E:49:GLN:HE22	2.26	0.49
1:A:348:LYS:HG2	1:A:352:TYR:CE2	2.48	0.49
1:A:349:VAL:O	1:A:353:LYS:HG3	2.11	0.49
1:A:519:LEU:HD13	1:A:584:TYR:CG	2.47	0.49
1:A:392:LEU:HD12	1:A:613:LYS:HB2	1.94	0.49
1:A:730:ASN:HB3	1:A:749:LEU:CD1	2.36	0.49
1:A:792:THR:HA	3:C:127:TYR:CE1	2.47	0.49
3:C:127:TYR:HE2	3:C:187:LYS:CE	2.21	0.49
1:A:789:MET:CE	3:C:130:PHE:CE1	2.95	0.49
4:E:192:ILE:HG22	4:E:256:ARG:CZ	2.42	0.49
4:E:193:LEU:HD22	4:E:198:TYR:CD2	2.48	0.49
1:A:176:LEU:HD11	1:A:673:PHE:CA	2.41	0.49
1:A:234:ASN:ND2	1:A:242:ASN:HD21	2.10	0.49
1:A:361:TYR:CE1	1:A:386:ALA:HB1	2.48	0.49
2:B:122:GLU:HG3	2:B:137:ILE:HD12	1.93	0.49

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:C:188:HIS:NE2	3:C:192:ILE:HA	2.27	0.49
4:E:190:MET:HE1	4:E:206:ARG:HA	1.90	0.49
1:A:155:ILE:HD12	1:A:191:ARG:HB3	1.95	0.49
1:A:287:ILE:CD1	1:A:288:PHE:CD2	2.96	0.49
1:A:30:ARG:HB2	1:A:31:PRO:HD2	1.95	0.49
1:A:607:VAL:CG1	1:A:611:TYR:CE1	2.95	0.49
1:A:612:GLN:HB3	1:A:623:PHE:CZ	2.48	0.49
1:A:760:TYR:HA	1:A:768:PHE:O	2.12	0.49
1:A:801:MET:HE1	3:C:72:GLN:NE2	2.28	0.49
1:A:825:PHE:CE1	1:A:829:LYS:HB3	2.47	0.49
3:C:135:ARG:C	3:C:135:ARG:HE	2.16	0.49
1:A:799:TYR:CE2	3:C:170:MET:CE	2.95	0.49
4:D:69:TYR:CD1	4:D:69:TYR:N	2.81	0.49
4:E:49:GLN:C	4:E:50:LYS:HD3	2.33	0.49
1:A:348:LYS:HG2	1:A:352:TYR:HE2	1.76	0.49
1:A:375:ALA:CB	1:A:417:GLN:HE22	2.19	0.49
1:A:508:ILE:CG1	1:A:768:PHE:CZ	2.94	0.49
2:B:154:TYR:CD1	2:B:155:LYS:N	2.81	0.49
3:C:142:ASN:N	3:C:176:SER:HB3	2.27	0.49
3:C:189:ILE:HG12	3:C:190:MET:H	1.75	0.49
3:C:45:PHE:CA	3:C:46:SER:HB2	2.42	0.49
4:D:143:TYR:CE2	4:D:346:LEU:CD1	2.96	0.49
4:E:106:THR:HG21	4:E:140:LEU:HD12	1.93	0.49
4:E:34:ILE:HB	4:E:54:VAL:CG2	2.43	0.49
1:A:151:ALA:HB1	1:A:152:PRO:HD2	1.94	0.49
1:A:300:ILE:O	1:A:303:LEU:HB3	2.13	0.49
1:A:441:MET:O	1:A:444:ARG:HB2	2.13	0.49
1:A:722:PHE:CE1	1:A:777:LEU:CD1	2.96	0.49
3:C:56:ALA:O	3:C:59:LEU:HB2	2.13	0.49
4:E:143:TYR:HD1	4:E:143:TYR:O	1.96	0.49
4:E:26:ALA:HB1	4:E:27:PRO:HD2	1.94	0.49
4:E:94:LEU:HB3	4:E:96:VAL:HG13	1.95	0.49
1:A:279:LEU:H	1:A:279:LEU:CD2	2.24	0.49
1:A:295:LYS:HB3	1:A:331:LEU:CB	2.41	0.49
4:D:151:ILE:HA	4:D:164:PRO:HA	1.95	0.49
4:D:194:THR:HG23	4:D:198:TYR:O	2.13	0.49
4:D:294:TYR:CD2	4:D:325:MET:HG2	2.48	0.49
1:A:287:ILE:HD12	1:A:288:PHE:CD2	2.47	0.48
1:A:312:PHE:CD1	1:A:312:PHE:N	2.81	0.48
1:A:557:GLN:O	1:A:561:LYS:HG3	2.13	0.48
1:A:697:LEU:HB3	1:A:703:LEU:HG	1.94	0.48

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:C:54:LYS:HZ1	3:C:73:VAL:CG1	2.25	0.48
4:D:339:VAL:O	4:D:342:GLY:HA3	2.13	0.48
1:A:16:TYR:CD1	1:A:16:TYR:N	2.79	0.48
1:A:319:GLU:HG3	1:A:321:THR:H	1.78	0.48
1:A:30:ARG:HB2	1:A:31:PRO:CD	2.42	0.48
1:A:722:PHE:CZ	1:A:777:LEU:CD1	2.96	0.48
3:C:144:THR:HG23	3:C:145:VAL:HG13	1.95	0.48
3:C:71:SER:HB2	3:C:86:ASN:OD1	2.13	0.48
4:E:219:VAL:HG22	4:E:258:PRO:HB2	1.95	0.48
4:E:275:HIS:HB3	4:E:313:MET:HE1	1.95	0.48
1:A:130:LYS:HE2	1:A:132:LEU:HD11	1.94	0.48
1:A:205:LYS:HG3	1:A:206:LYS:N	2.28	0.48
1:A:275:VAL:HG12	1:A:276:THR:N	2.27	0.48
1:A:351:ILE:HG12	1:A:437:MET:HE3	1.93	0.48
1:A:372:GLU:H	1:A:372:GLU:HG2	1.43	0.48
1:A:485:GLU:HB3	1:A:523:ILE:CG2	2.43	0.48
1:A:129:TYR:CD2	1:A:683:LYS:HB3	2.48	0.48
2:B:108:LEU:CD2	2:B:120:PHE:CE2	2.95	0.48
2:B:147:ASP:CB	2:B:152:VAL:HA	2.44	0.48
4:D:189:LEU:O	4:D:192:ILE:HG12	2.12	0.48
4:E:238:LYS:O	4:E:250:ILE:HG22	2.13	0.48
1:A:176:LEU:HD13	1:A:675:ARG:HH21	1.76	0.48
1:A:268:TYR:O	1:A:269:LEU:HD12	2.13	0.48
1:A:348:LYS:CA	1:A:351:ILE:HG22	2.43	0.48
1:A:39:PHE:CE1	1:A:49:LYS:CG	2.95	0.48
1:A:557:GLN:HG2	1:A:558:HIS:N	2.28	0.48
1:A:519:LEU:HD13	1:A:584:TYR:CB	2.43	0.48
1:A:722:PHE:CE1	1:A:726:TYR:CD2	2.98	0.48
1:A:98:HIS:O	1:A:102:VAL:HG13	2.14	0.48
2:B:120:PHE:CZ	2:B:124:LEU:HB3	2.48	0.48
2:B:81:PHE:CA	2:B:84:PHE:HB3	2.43	0.48
3:C:122:LYS:HB3	3:C:127:TYR:CZ	2.48	0.48
4:D:362:TYR:CE1	4:D:367:PRO:HG3	2.47	0.48
1:A:16:TYR:CG	1:A:134:VAL:HG23	2.48	0.48
1:A:228:LEU:HD23	1:A:337:ALA:HB3	1.94	0.48
1:A:240:ASN:HD22	1:A:241:ASP:N	2.11	0.48
1:A:249:PHE:CD1	1:A:462:LEU:CD2	2.96	0.48
1:A:166:MET:CG	1:A:457:TYR:HB2	2.43	0.48
1:A:81:ASN:CG	1:A:96:HIS:H	2.16	0.48
2:B:160:VAL:HA	2:B:165:ASP:HA	1.95	0.48
3:C:143:GLY:N	3:C:176:SER:HB3	2.28	0.48

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:C:90:LYS:HG3	3:C:90:LYS:O	2.13	0.48
4:D:7:ALA:HA	4:D:102:PRO:O	2.13	0.48
4:E:32:PRO:HG2	4:E:55:GLY:O	2.14	0.48
4:E:58:ALA:CA	4:E:65:LEU:CD2	2.91	0.48
1:A:19:LYS:CG	1:A:114:MET:HE2	2.43	0.48
1:A:14:ALA:HB1	1:A:18:ARG:HB2	1.94	0.48
1:A:170:ARG:HB3	1:A:457:TYR:OH	2.14	0.48
1:A:319:GLU:CD	1:A:320:VAL:H	2.17	0.48
1:A:713:PHE:HE2	1:A:770:LYS:HG2	1.79	0.48
4:E:16:LEU:HD23	4:E:32:PRO:HA	1.95	0.48
4:E:223:PHE:CD1	4:E:259:GLU:CG	2.96	0.48
4:E:229:THR:HG22	4:E:233:SER:HB3	1.95	0.48
1:A:286:HIS:O	1:A:290:GLN:HG3	2.13	0.48
1:A:582:VAL:HA	1:A:587:THR:HA	1.95	0.48
2:B:85:LEU:O	2:B:88:PHE:HB2	2.14	0.48
3:C:127:TYR:CE2	3:C:187:LYS:CG	2.96	0.48
4:D:153:LEU:HD11	4:D:160:THR:CG2	2.43	0.48
4:D:20:GLY:HA3	4:D:340:TRP:HZ2	1.78	0.48
4:E:103:THR:CG2	4:E:105:LEU:HD21	2.42	0.48
1:A:367:LYS:HD3	1:A:378:ASP:OD2	2.13	0.48
1:A:176:LEU:HD11	1:A:673:PHE:CB	2.44	0.48
1:A:704:GLU:O	1:A:707:ARG:HB3	2.12	0.48
3:C:157:LEU:C	3:C:157:LEU:HD22	2.34	0.48
3:C:51:ASP:OD2	3:C:105:LYS:HE3	2.13	0.48
3:C:92:VAL:HG23	3:C:93:LEU:N	2.19	0.48
4:D:107:GLU:HG2	4:D:108:ALA:N	2.28	0.48
4:D:106:THR:HG22	4:D:140:LEU:CD1	2.43	0.48
4:E:73:HIC:HD2	4:E:183:ARG:NH1	2.29	0.48
3:C:146:MET:N	3:C:147:GLY:HA3	2.28	0.48
1:A:789:MET:HB3	3:C:155:ALA:HB2	1.95	0.48
3:C:162:LYS:HB3	3:C:162:LYS:NZ	2.28	0.48
1:A:799:TYR:CE1	3:C:169:LEU:HD12	2.46	0.48
4:D:115:ASN:O	4:D:119:MET:HG3	2.13	0.48
4:E:262:PHE:O	4:E:273:GLY:HA3	2.14	0.48
4:E:66:THR:C	4:E:67:LEU:HD23	2.33	0.48
1:A:159:SER:CB	1:A:195:TYR:CD2	2.93	0.48
1:A:472:PHE:CE1	1:A:591:ASN:CB	2.93	0.48
1:A:729:LEU:HD21	1:A:781:ARG:HA	1.93	0.48
1:A:790:THR:HG22	1:A:791:ARG:HD3	1.96	0.48
4:D:157:ASP:OD1	5:D:401:ADP:C3'	2.62	0.48
4:D:335:ARG:HD3	4:D:335:ARG:HA	1.51	0.48

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:58:ALA:HB1	4:D:65:LEU:CD2	2.40	0.48
4:E:314:GLN:NE2	4:E:327:ILE:HB	2.28	0.48
1:A:250:ILE:C	1:A:250:ILE:HD13	2.35	0.47
1:A:544:LYS:CD	4:D:148:THR:HB	2.44	0.47
1:A:600:LYS:HG2	1:A:602:PRO:CD	2.43	0.47
1:A:515:PHE:CD1	1:A:711:LYS:CE	2.97	0.47
1:A:7:MET:HB2	1:A:8:ALA:H	1.21	0.47
3:C:162:LYS:HA	3:C:165:GLU:CD	2.34	0.47
4:D:357:ILE:N	4:D:357:ILE:HD13	2.28	0.47
4:D:85:ILE:HG22	4:D:86:TRP:N	2.27	0.47
4:E:240:TYR:HB3	4:E:248:ILE:HG13	1.96	0.47
4:E:198:TYR:CE2	4:E:248:ILE:HG22	2.46	0.47
4:E:58:ALA:CB	4:E:65:LEU:HD22	2.44	0.47
1:A:46:MET:HE2	1:A:46:MET:HA	1.95	0.47
1:A:805:PHE:CE2	1:A:809:MET:SD	3.07	0.47
1:A:39:PHE:CZ	1:A:80:MET:CE	2.96	0.47
4:E:294:TYR:CE1	4:E:321:ALA:CB	2.97	0.47
4:E:347:ALA:HA	4:E:356:TRP:CZ2	2.49	0.47
1:A:253:HIS:HB2	1:A:455:ARG:CG	2.44	0.47
1:A:790:THR:CG2	1:A:791:ARG:HH11	2.26	0.47
1:A:805:PHE:O	1:A:809:MET:HG3	2.14	0.47
1:A:328:SER:O	1:A:331:LEU:HB3	2.15	0.47
1:A:39:PHE:HE1	1:A:49:LYS:HG2	1.78	0.47
1:A:808:MET:HB3	3:C:60:TYR:OH	2.14	0.47
1:A:837:PHE:CE2	1:A:838:PHE:CE1	3.02	0.47
3:C:42:LYS:HD2	3:C:47:LYS:HB3	1.96	0.47
4:D:35:VAL:HG12	4:D:68:LYS:HB3	1.93	0.47
4:D:373:LYS:HA	4:D:373:LYS:HD2	1.67	0.47
4:D:66:THR:O	4:D:67:LEU:HD23	2.14	0.47
4:E:285:CYS:SG	4:E:293:LEU:HD11	2.53	0.47
4:E:362:TYR:CE1	4:E:367:PRO:HG3	2.44	0.47
1:A:135:TYR:CD1	1:A:135:TYR:N	2.82	0.47
1:A:295:LYS:HB3	1:A:331:LEU:CD1	2.42	0.47
1:A:361:TYR:HE1	1:A:386:ALA:HB2	1.79	0.47
1:A:445:ILE:CG2	1:A:449:LEU:HD12	2.38	0.47
1:A:526:ILE:CG2	1:A:533:PHE:CD1	2.98	0.47
1:A:773:LEU:HD13	1:A:773:LEU:C	2.35	0.47
1:A:783:GLU:O	1:A:787:THR:HG23	2.14	0.47
1:A:9:ILE:HA	1:A:18:ARG:NE	2.30	0.47
1:A:9:ILE:HD13	1:A:18:ARG:HH22	1.74	0.47
3:C:105:LYS:O	3:C:108:PHE:HB3	2.15	0.47

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:158:GLY:HA3	4:D:183:ARG:CD	2.45	0.47
4:D:194:THR:HG23	4:D:199:SER:HA	1.96	0.47
4:E:236:LEU:HD22	4:E:252:ASN:HA	1.96	0.47
1:A:103:LEU:HD12	1:A:107:LYS:HB2	1.96	0.47
1:A:312:PHE:HB2	1:A:315:VAL:CG2	2.45	0.47
1:A:396:GLU:HG2	1:A:610:LEU:CD2	2.44	0.47
1:A:726:TYR:HA	1:A:726:TYR:HD1	1.35	0.47
1:A:825:PHE:CE1	2:B:161:ILE:CG2	2.97	0.47
2:B:47:ASP:O	2:B:50:ASP:HB2	2.14	0.47
4:D:121:GLN:HA	4:D:362:TYR:CZ	2.49	0.47
4:E:335:ARG:HD3	4:E:335:ARG:HA	1.65	0.47
1:A:107:LYS:HA	1:A:688:MET:HG3	1.97	0.47
1:A:19:LYS:CG	1:A:114:MET:CE	2.93	0.47
1:A:110:TYR:CE1	1:A:128:PRO:HA	2.49	0.47
1:A:167:LEU:HD22	1:A:258:GLY:N	2.30	0.47
1:A:226:ASN:CB	1:A:227:PRO:HD3	2.42	0.47
1:A:234:ASN:H	1:A:245:ARG:CG	2.27	0.47
1:A:259:LYS:H	1:A:259:LYS:HD3	1.79	0.47
1:A:27:ALA:CB	1:A:87:LYS:HG2	2.45	0.47
1:A:350:GLY:H	1:A:353:LYS:HG3	1.78	0.47
1:A:566:GLN:HG2	1:A:567:LYS:N	2.29	0.47
1:A:678:ILE:HG23	1:A:678:ILE:O	2.15	0.47
1:A:763:GLY:HA3	1:A:766:LYS:O	2.15	0.47
2:B:63:VAL:CG1	2:B:67:GLU:HB2	2.45	0.47
3:C:156:THR:C	3:C:157:LEU:HD13	2.34	0.47
3:C:70:LEU:HB3	3:C:91:LYS:CD	2.44	0.47
3:C:89:VAL:O	3:C:90:LYS:HB2	2.14	0.47
4:E:65:LEU:HD13	4:E:67:LEU:HD23	1.95	0.47
1:A:103:LEU:HD11	1:A:688:MET:CB	2.44	0.47
1:A:210:GLN:CG	1:A:211:PRO:HD2	2.45	0.47
1:A:603:LEU:HG	1:A:648:PHE:CE1	2.46	0.47
1:A:603:LEU:CG	1:A:648:PHE:CG	2.97	0.47
3:C:90:LYS:CD	3:C:111:PHE:HZ	2.28	0.47
3:C:135:ARG:CD	3:C:140:GLU:H	2.27	0.47
1:A:808:MET:SD	3:C:57:PHE:CE1	3.08	0.47
3:C:85:THR:O	3:C:89:VAL:HB	2.15	0.47
4:D:35:VAL:HA	4:D:54:VAL:CG2	2.35	0.47
4:D:35:VAL:C	4:D:54:VAL:HG21	2.35	0.47
1:A:17:LEU:HD12	1:A:152:PRO:CB	2.45	0.47
1:A:189:THR:HA	1:A:192:VAL:CG2	2.45	0.47
1:A:88:ILE:CD1	1:A:93:MET:HB2	2.44	0.47

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:C:70:LEU:O	3:C:73:VAL:HB	2.15	0.47
1:A:412:TYR:HE2	4:D:337:TYR:CD2	2.33	0.47
4:E:159:VAL:HG22	4:E:160:THR:N	2.30	0.47
1:A:167:LEU:CD2	1:A:258:GLY:CA	2.93	0.47
1:A:246:PHE:CA	1:A:269:LEU:CD1	2.82	0.47
1:A:485:GLU:HA	1:A:584:TYR:CZ	2.49	0.47
1:A:541:MET:CE	4:D:345:ILE:HG23	2.44	0.47
1:A:659:LEU:CD1	1:A:663:MET:HE2	2.45	0.47
1:A:673:PHE:N	1:A:673:PHE:CD1	2.82	0.47
1:A:831:TRP:CE3	1:A:834:MET:CE	2.97	0.47
2:B:69:ASP:O	2:B:72:MET:HB2	2.14	0.47
2:B:81:PHE:HA	2:B:84:PHE:CB	2.45	0.47
4:D:133:TYR:CE2	4:D:375:PHE:HB2	2.46	0.47
4:E:218:TYR:O	4:E:255:PHE:HA	2.14	0.47
1:A:117:THR:HB	1:A:124:VAL:CG2	2.45	0.47
1:A:139:VAL:HG12	1:A:143:TYR:CE1	2.50	0.47
1:A:236:LYS:HD3	1:A:237:THR:O	2.14	0.47
1:A:24:ARG:HH11	1:A:27:ALA:HB3	1.80	0.47
1:A:245:ARG:CD	1:A:285:TYR:HE1	2.28	0.47
1:A:388:TYR:CD2	1:A:388:TYR:C	2.88	0.47
1:A:408:VAL:HG22	1:A:410:ASN:O	2.13	0.47
1:A:415:LYS:HE3	4:D:333:PRO:CG	2.45	0.47
1:A:651:VAL:O	1:A:655:PHE:HD1	1.98	0.47
1:A:755:VAL:CG2	1:A:760:TYR:HE1	2.27	0.47
1:A:789:MET:HE1	3:C:150:LEU:HD21	1.96	0.47
3:C:51:ASP:CG	3:C:105:LYS:HE3	2.36	0.47
3:C:122:LYS:HB3	3:C:127:TYR:CE2	2.50	0.47
3:C:167:GLU:O	3:C:170:MET:HB2	2.15	0.47
3:C:69:THR:CB	3:C:73:VAL:HG23	2.41	0.47
3:C:87:ALA:CB	3:C:94:GLY:CA	2.93	0.47
4:D:230:ALA:HA	4:D:233:SER:HB2	1.96	0.47
4:D:314:GLN:OE1	4:D:314:GLN:HA	2.15	0.47
4:E:54:VAL:HA	4:E:58:ALA:HB2	1.97	0.47
1:A:254:PHE:HD1	1:A:458:PHE:HA	1.79	0.46
1:A:525:LEU:HD11	1:A:558:HIS:ND1	2.29	0.46
1:A:558:HIS:O	1:A:561:LYS:HB2	2.15	0.46
1:A:583:HIS:CB	1:A:585:ALA:HB3	2.45	0.46
1:A:80:MET:HG2	1:A:81:ASN:H	1.80	0.46
2:B:58:MET:HG3	2:B:59:GLY:N	2.30	0.46
2:B:58:MET:HE3	2:B:60:ARG:HH11	1.79	0.46
1:A:801:MET:CE	3:C:57:PHE:CZ	2.95	0.46

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:E:294:TYR:HD1	4:E:327:ILE:HD12	1.80	0.46
1:A:118:TYR:OH	1:A:148:ARG:HD3	2.16	0.46
1:A:14:ALA:HB3	1:A:15:PRO:CD	2.37	0.46
1:A:193:ILE:HG22	1:A:194:GLN:N	2.26	0.46
1:A:417:GLN:HG2	1:A:422:VAL:CG1	2.45	0.46
1:A:451:THR:OG1	1:A:452:LYS:N	2.45	0.46
1:A:392:LEU:HD11	1:A:613:LYS:HB2	1.95	0.46
1:A:708:ILE:HA	1:A:711:LYS:CE	2.29	0.46
1:A:80:MET:CG	1:A:81:ASN:N	2.78	0.46
3:C:73:VAL:HG12	3:C:108:PHE:CZ	2.50	0.46
4:D:104:LEU:HD23	4:D:105:LEU:N	2.30	0.46
1:A:295:LYS:C	1:A:297:PRO:HD3	2.36	0.46
1:A:408:VAL:CG2	1:A:410:ASN:H	2.27	0.46
1:A:498:LEU:O	1:A:501:GLU:HB2	2.15	0.46
1:A:578:HIS:HD2	1:A:591:ASN:HA	1.71	0.46
1:A:613:LYS:C	1:A:619:LEU:HD11	2.34	0.46
2:B:81:PHE:C	2:B:84:PHE:HB3	2.36	0.46
3:C:183:GLU:HA	3:C:186:VAL:HG12	1.97	0.46
4:E:294:TYR:HE1	4:E:321:ALA:HB2	1.76	0.46
1:A:130:LYS:HD3	1:A:132:LEU:CD1	2.32	0.46
1:A:408:VAL:CG2	1:A:409:GLY:N	2.78	0.46
2:B:108:LEU:CD2	2:B:120:PHE:HE2	2.28	0.46
4:D:134:VAL:HG12	4:D:375:PHE:OXT	2.15	0.46
1:A:9:ILE:HA	1:A:18:ARG:HD3	1.97	0.46
1:A:220:ASP:HA	1:A:223:ILE:HG12	1.97	0.46
2:B:82:THR:HG23	2:B:83:VAL:H	1.80	0.46
4:E:370:VAL:CG1	4:E:371:HIS:N	2.78	0.46
1:A:122:PHE:HE1	1:A:673:PHE:CB	2.27	0.46
1:A:264:ASP:O	1:A:265:ILE:HD12	2.16	0.46
1:A:309:PRO:HB2	1:A:320:VAL:HG13	1.97	0.46
1:A:537:GLU:HA	1:A:540:CYS:SG	2.56	0.46
1:A:642:LYS:HG3	1:A:643:LYS:H	1.79	0.46
1:A:129:TYR:OH	1:A:678:ILE:HG13	2.14	0.46
1:A:723:LYS:HB3	1:A:723:LYS:HZ3	1.81	0.46
4:E:321:ALA:HB1	4:E:322:PRO:CD	2.45	0.46
4:E:65:LEU:HD13	4:E:67:LEU:CD2	2.45	0.46
1:A:475:LEU:HD22	1:A:595:TRP:CG	2.50	0.46
1:A:51:MET:O	1:A:62:VAL:HG23	2.16	0.46
1:A:488:GLN:CB	1:A:584:TYR:CE2	2.98	0.46
1:A:680:ASN:OD1	1:A:687:VAL:HG11	2.16	0.46
1:A:819:GLN:OE1	2:B:130:ASP:HB2	2.16	0.46

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:C:70:LEU:C	3:C:70:LEU:HD13	2.36	0.46
4:D:180:LEU:HD12	4:D:181:ALA:H	1.80	0.46
4:D:90:PHE:CD2	4:D:98:PRO:HG3	2.51	0.46
4:E:116:ARG:HD3	4:E:370:VAL:HG13	1.98	0.46
1:A:99:GLU:HG2	1:A:100:PRO:N	2.31	0.46
1:A:255:GLY:CA	1:A:259:LYS:HG2	2.45	0.46
1:A:412:TYR:N	1:A:412:TYR:HD1	2.14	0.46
1:A:559:LEU:C	1:A:561:LYS:H	2.18	0.46
1:A:588:VAL:HG12	1:A:590:TYR:CE2	2.50	0.46
1:A:802:ARG:O	1:A:805:PHE:HB3	2.15	0.46
1:A:805:PHE:O	1:A:808:MET:HB2	2.16	0.46
1:A:804:GLU:HB3	1:A:808:MET:HE1	1.97	0.46
1:A:837:PHE:C	1:A:840:ILE:HG12	2.36	0.46
1:A:793:GLN:HE22	3:C:155:ALA:N	2.14	0.46
4:D:34:ILE:O	4:D:54:VAL:HG11	2.16	0.46
4:D:351:THR:OG1	4:D:352:PHE:CD1	2.68	0.46
1:A:408:VAL:CG1	1:A:412:TYR:CE1	2.99	0.46
1:A:614:SER:C	1:A:619:LEU:HD11	2.36	0.46
3:C:106:ILE:HG23	3:C:107:GLU:N	2.30	0.46
3:C:57:PHE:CD1	3:C:60:TYR:HE2	2.34	0.46
4:D:262:PHE:C	4:D:264:PRO:HD3	2.36	0.46
4:D:45:VAL:O	4:D:45:VAL:HG13	2.16	0.46
4:E:335:ARG:O	4:E:338:SER:HB3	2.16	0.46
1:A:24:ARG:HD2	1:A:24:ARG:HA	1.72	0.46
1:A:22:LYS:HA	1:A:25:ILE:HG13	1.97	0.46
1:A:261:ALA:HB1	1:A:453:GLN:O	2.16	0.46
1:A:60:VAL:HG12	1:A:61:THR:N	2.31	0.46
1:A:755:VAL:HG21	1:A:760:TYR:CE1	2.51	0.46
1:A:761:ARG:NH1	1:A:761:ARG:HG2	2.31	0.46
1:A:95:THR:CG2	1:A:96:HIS:ND1	2.79	0.46
4:D:298:VAL:HA	4:D:330:ILE:O	2.15	0.46
4:D:362:TYR:HE1	4:D:367:PRO:HG3	1.79	0.46
4:E:294:TYR:CD2	4:E:325:MET:SD	3.10	0.46
1:A:210:GLN:CG	1:A:212:GLY:N	2.79	0.45
1:A:535:ILE:CG2	1:A:553:LYS:HE2	2.39	0.45
4:D:278:THR:O	4:D:282:ILE:HG13	2.15	0.45
1:A:541:MET:HE2	4:D:345:ILE:HG23	1.98	0.45
4:E:181:ALA:O	4:E:185:LEU:HG	2.16	0.45
1:A:9:ILE:HA	1:A:18:ARG:CD	2.46	0.45
1:A:260:LEU:HD13	1:A:261:ALA:C	2.36	0.45
1:A:48:VAL:HG12	1:A:49:LYS:O	2.16	0.45

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:644:LYS:HG2	1:A:649:GLN:HG3	1.98	0.45
1:A:107:LYS:CD	1:A:688:MET:CG	2.94	0.45
1:A:88:ILE:CD1	1:A:93:MET:CB	2.95	0.45
2:B:122:GLU:HG3	2:B:137:ILE:CD1	2.46	0.45
1:A:825:PHE:CE1	2:B:161:ILE:HG21	2.51	0.45
3:C:162:LYS:O	3:C:165:GLU:HG2	2.16	0.45
4:D:164:PRO:HG3	4:D:281:SER:OG	2.16	0.45
4:E:244:ASP:CG	4:E:246:GLN:H	2.19	0.45
4:E:140:LEU:HB3	4:E:343:GLY:N	2.32	0.45
4:E:34:ILE:CD1	4:E:69:TYR:CZ	2.98	0.45
1:A:130:LYS:HG3	1:A:685:PRO:CG	2.42	0.45
1:A:16:TYR:CG	1:A:134:VAL:CG2	2.99	0.45
1:A:292:MET:HB2	1:A:309:PRO:HG3	1.98	0.45
1:A:396:GLU:CG	1:A:610:LEU:CD2	2.94	0.45
1:A:452:LYS:CD	1:A:452:LYS:N	2.79	0.45
1:A:557:GLN:CG	1:A:558:HIS:N	2.80	0.45
1:A:574:LYS:HB2	1:A:574:LYS:HE3	1.56	0.45
3:C:157:LEU:HB2	3:C:158:GLY:O	2.16	0.45
4:D:107:GLU:HG3	4:D:111:ASN:CB	2.46	0.45
1:A:113:TRP:CE3	1:A:130:LYS:CE	2.95	0.45
1:A:160:ASP:HA	1:A:195:TYR:OH	2.17	0.45
1:A:253:HIS:HE2	1:A:264:ASP:CG	2.19	0.45
1:A:36:LYS:HB3	1:A:51:MET:HB3	1.98	0.45
1:A:595:TRP:CD1	1:A:595:TRP:N	2.85	0.45
1:A:760:TYR:CD1	1:A:760:TYR:N	2.84	0.45
2:B:125:LEU:HB3	2:B:132:PHE:HD1	1.74	0.45
2:B:147:ASP:HA	2:B:148:VAL:HG23	1.98	0.45
2:B:27:GLN:C	2:B:30:GLU:HB3	2.37	0.45
4:D:153:LEU:HD13	4:D:162:ASN:ND2	2.31	0.45
4:E:346:LEU:HA	4:E:349:LEU:HG	1.99	0.45
1:A:116:TYR:HB3	1:A:153:PRO:HG2	1.98	0.45
1:A:16:TYR:HE2	1:A:132:LEU:HG	1.78	0.45
1:A:279:LEU:HD23	1:A:279:LEU:N	2.26	0.45
1:A:615:ALA:O	1:A:619:LEU:HD13	2.16	0.45
1:A:671:PRO:HB2	1:A:673:PHE:HE1	1.73	0.45
1:A:716:ARG:O	1:A:717:ILE:HG13	2.17	0.45
3:C:105:LYS:CD	3:C:106:ILE:N	2.79	0.45
3:C:67:LYS:CD	3:C:92:VAL:CG1	2.92	0.45
3:C:73:VAL:CG1	3:C:108:PHE:CZ	2.99	0.45
3:C:83:ASN:HB2	3:C:84:PRO:CD	2.38	0.45
4:D:58:ALA:CA	4:D:65:LEU:CD2	2.94	0.45

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:295:LYS:HB2	1:A:328:SER:O	2.16	0.45
1:A:510:TRP:CZ2	1:A:512:PHE:HB2	2.51	0.45
1:A:717:ILE:HG22	1:A:718:LEU:O	2.16	0.45
1:A:825:PHE:CD1	2:B:161:ILE:HG21	2.51	0.45
1:A:93:MET:HA	1:A:93:MET:HE1	1.96	0.45
1:A:805:PHE:CE1	3:C:53:PHE:HD1	2.34	0.45
4:E:17:VAL:C	4:E:18:LYS:HD3	2.37	0.45
4:E:191:LYS:HD2	4:E:191:LYS:HA	1.57	0.45
1:A:110:TYR:CE2	1:A:686:GLY:N	2.84	0.45
1:A:221:GLN:HG2	1:A:449:LEU:CD2	2.46	0.45
1:A:205:LYS:HD3	1:A:257:THR:HG21	1.97	0.45
1:A:53:GLN:HA	1:A:53:GLN:NE2	2.31	0.45
1:A:583:HIS:CB	1:A:585:ALA:CB	2.94	0.45
1:A:526:ILE:CD1	1:A:583:HIS:HE1	2.28	0.45
1:A:62:VAL:HG22	1:A:63:LYS:N	2.32	0.45
1:A:738:GLN:O	1:A:738:GLN:HG2	2.16	0.45
1:A:836:LEU:HA	1:A:839:LYS:CG	2.47	0.45
1:A:81:ASN:OD1	1:A:96:HIS:HB2	2.17	0.45
1:A:833:TRP:CZ2	2:B:71:MET:CE	2.99	0.45
4:E:236:LEU:HD22	4:E:251:GLY:O	2.17	0.45
4:E:236:LEU:HD22	4:E:252:ASN:N	2.32	0.45
1:A:314:PHE:CE2	1:A:362:GLY:CA	2.97	0.45
1:A:392:LEU:N	1:A:392:LEU:HD22	2.30	0.45
1:A:39:PHE:HZ	1:A:80:MET:CE	2.30	0.45
1:A:462:LEU:CD1	1:A:464:ILE:CG2	2.94	0.45
1:A:499:GLU:O	1:A:503:TYR:HD1	2.00	0.45
1:A:528:LYS:HB2	1:A:529:PRO:CD	2.46	0.45
1:A:727:ARG:HH12	1:A:745:ALA:HB1	1.77	0.45
1:A:757:ARG:NH1	1:A:757:ARG:HG2	2.31	0.45
2:B:146:PRO:HD3	2:B:157:ILE:HG22	1.99	0.45
2:B:58:MET:CE	2:B:60:ARG:CB	2.95	0.45
3:C:122:LYS:HA	3:C:122:LYS:HD2	1.86	0.45
3:C:46:SER:N	3:C:49:GLN:H	2.12	0.45
3:C:67:LYS:HD2	3:C:92:VAL:CG1	2.47	0.45
4:D:299:MET:CE	4:D:309:ILE:CG2	2.94	0.45
4:D:370:VAL:HG12	4:D:371:HIS:N	2.32	0.45
4:E:106:THR:HA	4:E:135:ALA:H	1.82	0.45
4:E:129:VAL:HG23	4:E:129:VAL:O	2.14	0.45
4:E:16:LEU:HB2	4:E:18:LYS:HZ3	1.82	0.45
4:E:287:ILE:HG12	4:E:288:ASP:OD1	2.16	0.45
4:E:329:ILE:O	4:E:329:ILE:HG22	2.16	0.45

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:136:ASN:HA	1:A:137:PRO:HD3	1.69	0.45
1:A:13:ALA:HA	1:A:139:VAL:CG2	2.45	0.45
1:A:277:PHE:CG	1:A:278:GLN:N	2.84	0.45
1:A:799:TYR:CE2	3:C:170:MET:HE3	2.52	0.45
1:A:27:ALA:CB	1:A:87:LYS:HE2	2.47	0.45
3:C:135:ARG:HD3	3:C:140:GLU:N	2.28	0.45
1:A:795:LEU:HA	3:C:80:LEU:HD21	1.99	0.45
4:E:211:ASP:CG	4:E:215:LYS:HE3	2.38	0.45
4:E:221:LEU:HA	4:E:221:LEU:HD12	1.85	0.45
1:A:17:LEU:N	1:A:17:LEU:HD22	2.31	0.45
1:A:254:PHE:N	1:A:254:PHE:CD1	2.84	0.45
1:A:296:LYS:HB3	1:A:331:LEU:HD11	1.99	0.45
1:A:472:PHE:HZ	1:A:591:ASN:OD1	2.00	0.45
1:A:482:PHE:CE1	1:A:526:ILE:HB	2.52	0.45
1:A:648:PHE:CG	1:A:649:GLN:N	2.83	0.45
2:B:58:MET:HE3	2:B:60:ARG:CB	2.46	0.45
3:C:58:LEU:HG	3:C:64:GLY:C	2.38	0.45
4:D:36:GLY:N	4:D:54:VAL:CG2	2.80	0.45
4:E:39:ARG:NE	4:E:66:THR:HB	2.28	0.45
1:A:155:ILE:HD12	1:A:191:ARG:CG	2.47	0.44
1:A:210:GLN:HG3	1:A:212:GLY:N	2.32	0.44
1:A:260:LEU:O	1:A:453:GLN:CB	2.65	0.44
1:A:237:THR:HG22	1:A:274:ARG:NH2	2.32	0.44
1:A:245:ARG:CG	1:A:285:TYR:CE1	2.94	0.44
1:A:322:VAL:HG12	1:A:323:ALA:N	2.31	0.44
1:A:358:VAL:HG22	1:A:430:ALA:CA	2.33	0.44
1:A:508:ILE:HD13	1:A:508:ILE:N	2.32	0.44
1:A:748:LYS:HE3	1:A:748:LYS:HB2	1.68	0.44
1:A:85:PHE:HE1	1:A:93:MET:O	2.00	0.44
3:C:134:LEU:H	3:C:134:LEU:HD12	1.82	0.44
3:C:70:LEU:HB3	3:C:91:LYS:CE	2.45	0.44
4:D:192:ILE:HG22	4:D:256:ARG:NH1	2.32	0.44
4:D:341:ILE:HG22	4:D:345:ILE:HD11	1.99	0.44
4:E:35:VAL:CA	4:E:54:VAL:CG2	2.95	0.44
1:A:91:MET:CE	1:A:102:VAL:HA	2.40	0.44
1:A:219:GLU:CD	1:A:219:GLU:H	2.13	0.44
1:A:245:ARG:HA	1:A:245:ARG:HE	1.82	0.44
1:A:295:LYS:HB3	1:A:331:LEU:CG	2.47	0.44
1:A:648:PHE:CD1	1:A:649:GLN:NE2	2.85	0.44
3:C:54:LYS:HZ1	3:C:73:VAL:HG11	1.82	0.44
4:D:24:ASP:HB2	4:D:340:TRP:HH2	1.81	0.44

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:38:PRO:CD	4:D:49:GLN:HE22	2.28	0.44
4:E:162:ASN:HD22	4:E:278:THR:HA	1.82	0.44
4:E:34:ILE:HG21	4:E:67:LEU:CB	2.46	0.44
1:A:16:TYR:CZ	1:A:132:LEU:HG	2.51	0.44
1:A:167:LEU:O	1:A:170:ARG:HG2	2.17	0.44
1:A:19:LYS:N	1:A:114:MET:CE	2.81	0.44
1:A:301:ASP:O	1:A:304:LEU:HD23	2.18	0.44
1:A:41:VAL:HG23	1:A:78:PHE:CE1	2.53	0.44
1:A:698:ARG:CG	1:A:703:LEU:CD1	2.95	0.44
1:A:730:ASN:CB	1:A:749:LEU:HD13	2.36	0.44
2:B:51:LEU:CD1	2:B:71:MET:CE	2.95	0.44
2:B:52:ARG:CZ	2:B:64:LYS:HG2	2.47	0.44
1:A:805:PHE:CE1	3:C:53:PHE:CE1	3.06	0.44
4:D:332:PRO:HA	4:D:333:PRO:HD3	1.71	0.44
4:D:169:TYR:CE1	4:E:42:GLY:HA2	2.52	0.44
1:A:187:VAL:O	1:A:190:LYS:HB2	2.18	0.44
1:A:245:ARG:NH1	1:A:274:ARG:HD2	2.33	0.44
1:A:283:ARG:NE	1:A:322:VAL:HG21	2.32	0.44
1:A:412:TYR:N	1:A:412:TYR:CD1	2.85	0.44
1:A:47:TYR:CD1	1:A:47:TYR:N	2.85	0.44
1:A:526:ILE:HG22	1:A:533:PHE:HD1	1.82	0.44
1:A:107:LYS:HA	1:A:688:MET:CG	2.46	0.44
3:C:140:GLU:OE1	3:C:180:ILE:HG12	2.18	0.44
4:D:158:GLY:CA	4:D:183:ARG:CD	2.95	0.44
4:D:180:LEU:HD21	4:D:261:LEU:HA	1.99	0.44
4:D:335:ARG:HH21	4:D:338:SER:HB2	1.81	0.44
4:D:370:VAL:CG1	4:D:371:HIS:N	2.81	0.44
4:E:65:LEU:CD1	4:E:67:LEU:CD2	2.95	0.44
1:A:253:HIS:N	1:A:253:HIS:CD2	2.86	0.44
1:A:235:ALA:HA	1:A:286:HIS:ND1	2.32	0.44
1:A:260:LEU:O	1:A:453:GLN:HB3	2.17	0.44
1:A:642:LYS:CG	1:A:643:LYS:N	2.80	0.44
1:A:802:ARG:HB2	1:A:802:ARG:CZ	2.47	0.44
2:B:97:PRO:HD2	2:B:100:VAL:CG1	2.48	0.44
3:C:131:VAL:HG21	3:C:179:CYS:O	2.17	0.44
3:C:180:ILE:CD1	3:C:181:ASN:N	2.79	0.44
4:D:251:GLY:CA	4:D:254:ARG:HG3	2.24	0.44
4:D:223:PHE:CD1	4:D:259:GLU:HG2	2.53	0.44
4:D:223:PHE:HB2	4:D:259:GLU:OE2	2.17	0.44
4:E:108:ALA:HB1	4:E:109:PRO:HD2	1.98	0.44
1:A:205:LYS:CG	1:A:206:LYS:N	2.80	0.44

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:355:THR:CG2	1:A:437:MET:CE	2.95	0.44
1:A:445:ILE:HG23	1:A:446:ASN:N	2.33	0.44
1:A:802:ARG:HB3	1:A:802:ARG:NH2	2.33	0.44
2:B:166:ALA:O	2:B:167:LYS:HD3	2.18	0.44
2:B:51:LEU:HD12	2:B:68:LEU:CD1	2.48	0.44
1:A:789:MET:CE	3:C:130:PHE:CZ	3.01	0.44
3:C:163:GLU:HG3	3:C:163:GLU:O	2.15	0.44
4:D:27:PRO:HG3	4:D:340:TRP:CG	2.52	0.44
4:D:280:ASN:O	4:D:284:LYS:HG3	2.16	0.44
4:D:70:PRO:HG3	4:D:81:ASP:HB3	1.99	0.44
4:E:53:TYR:HA	4:E:53:TYR:HD1	1.42	0.44
4:E:36:GLY:HA3	4:E:66:THR:O	2.18	0.44
1:A:16:TYR:CD1	1:A:134:VAL:CG2	2.96	0.44
1:A:245:ARG:HA	1:A:245:ARG:NE	2.33	0.44
1:A:496:PHE:CD1	1:A:514:ASP:HA	2.53	0.44
1:A:517:MET:HE3	1:A:517:MET:HB2	1.63	0.44
1:A:642:LYS:HG3	1:A:643:LYS:N	2.32	0.44
1:A:735:PRO:O	1:A:739:PHE:HB2	2.17	0.44
1:A:81:ASN:HD22	1:A:94:MET:CE	2.29	0.44
2:B:154:TYR:HD1	2:B:155:LYS:N	2.15	0.44
4:D:39:ARG:HD2	4:D:65:LEU:O	2.18	0.44
4:E:261:LEU:HB3	4:E:274:ILE:HD11	2.00	0.44
4:E:8:LEU:HD11	4:E:96:VAL:HG21	2.00	0.44
1:A:246:PHE:N	1:A:246:PHE:CD1	2.85	0.44
1:A:283:ARG:CD	1:A:322:VAL:HG23	2.45	0.44
1:A:368:GLN:CG	1:A:376:GLU:HB3	2.48	0.44
1:A:693:VAL:O	1:A:696:GLN:HB2	2.18	0.44
1:A:70:LEU:HD12	1:A:70:LEU:N	2.33	0.44
1:A:778:GLU:OE1	1:A:778:GLU:HA	2.18	0.44
1:A:790:THR:HG23	1:A:791:ARG:HD2	1.98	0.44
4:E:282:ILE:HG12	4:E:293:LEU:HD13	1.99	0.44
1:A:16:TYR:CZ	1:A:132:LEU:CB	2.94	0.44
1:A:33:ASP:CG	1:A:35:LYS:H	2.21	0.44
1:A:380:THR:O	1:A:380:THR:HG22	2.17	0.44
1:A:175:ILE:HD11	1:A:461:VAL:HG13	1.97	0.44
1:A:519:LEU:HD22	1:A:584:TYR:CB	2.43	0.44
1:A:536:LEU:CD1	1:A:596:LEU:CD2	2.95	0.44
1:A:603:LEU:HA	1:A:603:LEU:HD22	1.76	0.44
1:A:406:VAL:HB	1:A:605:GLU:OE2	2.17	0.44
1:A:700:ASN:HB3	1:A:702:VAL:HG23	1.99	0.44
1:A:822:ILE:HG13	1:A:823:ARG:N	2.32	0.44

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:825:PHE:CD1	1:A:828:VAL:HG13	2.53	0.44
1:A:32:PHE:HD2	1:A:83:PRO:HD3	1.83	0.44
2:B:58:MET:CE	2:B:60:ARG:HH11	2.30	0.44
2:B:88:PHE:HD2	2:B:91:LYS:HE2	1.82	0.44
1:A:22:LYS:HA	1:A:25:ILE:CG1	2.48	0.43
1:A:325:ILE:CG1	1:A:326:ASP:N	2.81	0.43
1:A:415:LYS:HB2	1:A:415:LYS:HE2	1.40	0.43
1:A:418:ASN:CB	1:A:420:GLN:HE22	2.31	0.43
1:A:463:ASP:C	1:A:464:ILE:HG22	2.38	0.43
1:A:693:VAL:CA	1:A:696:GLN:HG3	2.42	0.43
1:A:99:GLU:OE1	1:A:694:MET:HG3	2.17	0.43
2:B:137:ILE:CD1	2:B:141:TRP:NE1	2.79	0.43
2:B:115:THR:CG2	2:B:154:TYR:CE2	2.96	0.43
4:D:50:LYS:HG3	4:D:53:TYR:CE2	2.53	0.43
4:D:53:TYR:HA	4:D:53:TYR:HD1	1.57	0.43
4:E:347:ALA:O	4:E:356:TRP:HZ2	2.01	0.43
1:A:117:THR:CG2	1:A:118:TYR:N	2.81	0.43
1:A:210:GLN:HE21	1:A:211:PRO:HD2	1.83	0.43
1:A:283:ARG:HD3	1:A:322:VAL:CG2	2.46	0.43
1:A:262:SER:CB	1:A:455:ARG:HH21	2.31	0.43
1:A:792:THR:HG1	3:C:127:TYR:HE1	1.64	0.43
2:B:68:LEU:HD12	2:B:71:MET:HE1	1.99	0.43
3:C:142:ASN:C	3:C:177:ASN:H	2.21	0.43
4:E:236:LEU:HD12	4:E:237:GLU:N	2.34	0.43
4:E:342:GLY:HA2	4:E:345:ILE:HD12	2.01	0.43
1:A:155:ILE:CD1	1:A:191:ARG:CB	2.96	0.43
1:A:17:LEU:N	1:A:17:LEU:CD2	2.80	0.43
1:A:198:THR:CG2	1:A:199:ILE:N	2.81	0.43
1:A:255:GLY:CA	1:A:455:ARG:HA	2.48	0.43
1:A:380:THR:CB	1:A:398:LEU:HD11	2.49	0.43
1:A:452:LYS:HD2	1:A:452:LYS:H	1.84	0.43
1:A:588:VAL:CG1	1:A:589:ASP:N	2.80	0.43
1:A:592:ILE:O	1:A:595:TRP:CD1	2.71	0.43
1:A:796:CYS:O	1:A:799:TYR:HB3	2.19	0.43
1:A:822:ILE:CD1	2:B:132:PHE:CE2	2.94	0.43
2:B:98:GLU:HB3	2:B:99:ASP:H	1.50	0.43
4:E:8:LEU:CD1	4:E:90:PHE:CE1	2.97	0.43
1:A:139:VAL:O	1:A:142:ALA:HB3	2.18	0.43
1:A:16:TYR:HB3	1:A:115:ILE:HD11	2.00	0.43
1:A:439:LEU:C	1:A:439:LEU:HD13	2.39	0.43
2:B:55:PHE:CG	2:B:62:ASN:HB2	2.54	0.43

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:D:335:ARG:HD2	4:D:338:SER:HB3	1.99	0.43
4:D:78:ASN:O	4:D:82:MET:HB2	2.18	0.43
4:E:158:GLY:CA	4:E:181:ALA:CB	2.96	0.43
4:E:164:PRO:CG	4:E:174:ALA:HB1	2.44	0.43
1:A:214:MET:O	1:A:215:GLN:HG3	2.18	0.43
1:A:348:LYS:HA	1:A:351:ILE:CG2	2.47	0.43
1:A:370:GLN:HG2	1:A:373:GLU:O	2.18	0.43
1:A:406:VAL:CG1	1:A:414:THR:CG2	2.95	0.43
1:A:452:LYS:N	1:A:452:LYS:HE2	2.34	0.43
1:A:551:LYS:CG	1:A:555:TYR:CE2	2.94	0.43
1:A:724:GLN:CG	1:A:725:ARG:N	2.81	0.43
3:C:140:GLU:CB	3:C:180:ILE:CD1	2.93	0.43
1:A:795:LEU:CA	3:C:80:LEU:HD21	2.49	0.43
4:D:189:LEU:HD23	4:D:209:VAL:HG12	1.98	0.43
4:D:44:MET:HG3	4:D:46:GLY:O	2.18	0.43
4:E:103:THR:CG2	4:E:105:LEU:CD2	2.96	0.43
4:E:369:ILE:CG2	4:E:370:VAL:N	2.81	0.43
1:A:128:PRO:CG	1:A:132:LEU:HD21	2.48	0.43
1:A:820:TYR:HE1	1:A:821:ASN:HD21	1.67	0.43
1:A:93:MET:CA	1:A:93:MET:CE	2.95	0.43
3:C:67:LYS:H	3:C:103:ALA:H	1.67	0.43
4:D:31:PHE:HB2	4:D:32:PRO:CD	2.48	0.43
1:A:31:PRO:O	1:A:32:PHE:HB2	2.19	0.43
1:A:407:LYS:CG	1:A:408:VAL:H	2.32	0.43
1:A:524:GLU:HA	1:A:527:GLU:CG	2.47	0.43
1:A:592:ILE:O	1:A:592:ILE:HG22	2.19	0.43
1:A:726:TYR:N	1:A:726:TYR:CD1	2.82	0.43
1:A:793:GLN:HE22	3:C:156:THR:N	2.11	0.43
1:A:835:ASN:O	1:A:839:LYS:HG2	2.18	0.43
3:C:112:LEU:HA	3:C:112:LEU:HD22	1.53	0.43
1:A:795:LEU:CD1	3:C:186:VAL:HG22	2.49	0.43
4:D:272:ALA:HB3	4:D:277:THR:HG23	2.00	0.43
4:E:158:GLY:N	4:E:181:ALA:CB	2.81	0.43
1:A:348:LYS:C	1:A:351:ILE:HG22	2.38	0.43
1:A:408:VAL:HG11	1:A:412:TYR:CE1	2.54	0.43
1:A:476:GLU:H	1:A:476:GLU:CD	2.21	0.43
1:A:176:LEU:CD1	1:A:673:PHE:CD2	2.96	0.43
1:A:103:LEU:CD1	1:A:688:MET:CB	2.97	0.43
1:A:790:THR:CG2	1:A:791:ARG:N	2.81	0.43
1:A:81:ASN:HA	1:A:82:PRO:HD3	1.66	0.43
1:A:831:TRP:CE3	1:A:834:MET:SD	3.12	0.43

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:B:126:ILE:CG2	2:B:127:THR:N	2.82	0.43
4:D:242:LEU:HG	4:D:246:GLN:O	2.18	0.43
4:D:236:LEU:HB2	4:D:251:GLY:C	2.39	0.43
4:E:272:ALA:HB1	4:E:276:GLU:HB2	2.01	0.43
4:E:94:LEU:HA	4:E:94:LEU:HD23	1.96	0.43
1:A:154:HIS:O	1:A:157:SER:HB2	2.19	0.43
1:A:163:TYR:CE2	1:A:167:LEU:HD11	2.54	0.43
1:A:338:ILE:CG2	1:A:339:ASP:N	2.82	0.43
1:A:358:VAL:HG23	1:A:433:VAL:HG11	2.01	0.43
1:A:406:VAL:O	1:A:411:GLU:HB3	2.19	0.43
1:A:529:PRO:HG3	4:D:4:GLU:OE2	2.19	0.43
1:A:550:PHE:CE2	1:A:554:LEU:HD11	2.53	0.43
1:A:636:GLY:HA2	1:A:637:SER:HA	1.74	0.43
1:A:698:ARG:HG2	1:A:703:LEU:HD13	2.01	0.43
1:A:825:PHE:CA	1:A:828:VAL:CG1	2.94	0.43
1:A:99:GLU:O	1:A:102:VAL:N	2.51	0.43
2:B:124:LEU:O	2:B:128:GLN:HB3	2.19	0.43
2:B:51:LEU:HD12	2:B:68:LEU:HD11	2.00	0.43
3:C:108:PHE:CZ	3:C:112:LEU:CG	2.99	0.43
3:C:118:ILE:HA	3:C:119:SER:OG	2.18	0.43
1:A:800:LEU:CG	3:C:162:LYS:HG2	2.49	0.43
4:D:143:TYR:O	4:D:143:TYR:HD1	2.02	0.43
4:D:153:LEU:HD13	4:D:162:ASN:HD22	1.84	0.43
1:A:147:LYS:HG2	1:A:149:GLN:OE1	2.19	0.43
1:A:222:ILE:CD1	1:A:449:LEU:HD21	2.49	0.43
1:A:30:ARG:HH21	1:A:30:ARG:HD2	1.72	0.43
1:A:418:ASN:CG	1:A:420:GLN:HE22	2.22	0.43
1:A:433:VAL:CG1	1:A:434:TYR:N	2.82	0.43
1:A:239:ARG:NH2	1:A:470:PHE:HA	2.34	0.43
1:A:39:PHE:HA	1:A:49:LYS:HA	2.00	0.43
1:A:588:VAL:CG1	1:A:590:TYR:CE2	3.01	0.43
2:B:55:PHE:CA	2:B:58:MET:HB3	2.48	0.43
3:C:108:PHE:CE1	3:C:112:LEU:HD23	2.53	0.43
3:C:134:LEU:HD21	3:C:150:LEU:CG	2.44	0.43
3:C:134:LEU:O	3:C:136:VAL:HB	2.19	0.43
3:C:135:ARG:HG2	3:C:138:ASP:HA	2.00	0.43
4:D:262:PHE:CB	4:D:312:ARG:HH21	2.31	0.43
1:A:415:LYS:CE	4:D:333:PRO:HG2	2.48	0.43
4:D:65:LEU:HG	4:D:65:LEU:H	1.54	0.43
4:E:183:ARG:CG	4:E:184:ASP:N	2.82	0.43
1:A:16:TYR:CB	1:A:134:VAL:CG2	2.97	0.42

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:239:ARG:HG3	1:A:470:PHE:CE2	2.54	0.42
1:A:462:LEU:HD11	1:A:464:ILE:HG22	2.00	0.42
1:A:736:GLU:HG2	1:A:737:GLY:H	1.84	0.42
2:B:170:GLU:HA	2:B:170:GLU:OE2	2.18	0.42
3:C:57:PHE:CD1	3:C:60:TYR:CE2	3.07	0.42
4:D:309:ILE:CG2	4:D:310:ALA:N	2.82	0.42
4:E:287:ILE:CG1	4:E:288:ASP:N	2.82	0.42
4:E:309:ILE:CG2	4:E:310:ALA:N	2.81	0.42
1:A:19:LYS:NZ	1:A:112:ALA:HB1	2.34	0.42
1:A:19:LYS:HA	1:A:114:MET:HE1	2.01	0.42
1:A:279:LEU:N	1:A:279:LEU:CD2	2.82	0.42
1:A:339:ASP:O	1:A:342:GLY:HA2	2.19	0.42
1:A:401:LEU:N	1:A:401:LEU:CD2	2.82	0.42
1:A:413:VAL:HG13	1:A:413:VAL:O	2.17	0.42
1:A:452:LYS:HD2	1:A:452:LYS:N	2.34	0.42
1:A:76:GLN:O	1:A:78:PHE:CE1	2.72	0.42
1:A:820:TYR:CE1	1:A:821:ASN:ND2	2.88	0.42
1:A:836:LEU:O	1:A:839:LYS:HG2	2.19	0.42
2:B:118:LYS:HE3	2:B:141:TRP:CZ3	2.54	0.42
2:B:25:GLN:HE21	2:B:29:GLN:CD	2.22	0.42
2:B:58:MET:HE3	2:B:60:ARG:HE	1.83	0.42
3:C:122:LYS:C	3:C:187:LYS:HE2	2.39	0.42
3:C:131:VAL:HG12	3:C:132:GLU:N	2.33	0.42
3:C:145:VAL:CG2	3:C:146:MET:N	2.82	0.42
4:D:152:VAL:O	4:D:162:ASN:HA	2.19	0.42
1:A:488:GLN:CG	1:A:584:TYR:HE2	2.28	0.42
2:B:160:VAL:O	2:B:165:ASP:HA	2.20	0.42
4:E:349:LEU:HB3	4:E:352:PHE:HB2	2.01	0.42
1:A:295:LYS:HB2	1:A:331:LEU:HB3	1.98	0.42
1:A:369:LYS:HB3	1:A:369:LYS:HE2	1.92	0.42
1:A:39:PHE:CG	1:A:100:PRO:CG	3.02	0.42
1:A:407:LYS:CG	1:A:408:VAL:N	2.82	0.42
1:A:87:LYS:N	1:A:87:LYS:HD3	2.35	0.42
2:B:144:PHE:O	2:B:144:PHE:CG	2.72	0.42
2:B:160:VAL:HA	2:B:165:ASP:CB	2.50	0.42
2:B:42:ARG:HA	2:B:43:ASP:HA	1.77	0.42
3:C:135:ARG:HH11	3:C:141:GLY:N	2.11	0.42
3:C:170:MET:SD	3:C:185:PHE:HB3	2.59	0.42
4:D:297:ASN:HD22	4:D:297:ASN:N	2.18	0.42
4:D:369:ILE:CG2	4:D:370:VAL:N	2.82	0.42
1:A:188:ASN:HD22	1:A:188:ASN:N	2.17	0.42

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:305:ILE:CG2	1:A:306:SER:N	2.82	0.42
1:A:312:PHE:HA	1:A:313:PRO:HD3	1.89	0.42
1:A:380:THR:CG2	1:A:398:LEU:CD1	2.97	0.42
1:A:475:LEU:N	1:A:595:TRP:CZ2	2.87	0.42
1:A:734:ILE:HA	1:A:735:PRO:HD3	1.70	0.42
1:A:820:TYR:O	1:A:823:ARG:HB3	2.19	0.42
2:B:152:VAL:CG1	2:B:153:ASP:N	2.82	0.42
1:A:789:MET:HE1	3:C:150:LEU:HD11	1.95	0.42
3:C:159:GLU:CG	3:C:162:LYS:HG3	2.50	0.42
3:C:170:MET:SD	3:C:186:VAL:CA	3.08	0.42
3:C:190:MET:HE3	3:C:190:MET:C	2.40	0.42
4:D:279:TYR:HB2	4:D:320:LEU:CD1	2.48	0.42
1:A:415:LYS:HE3	4:D:333:PRO:HG3	2.01	0.42
4:E:152:VAL:CG1	4:E:153:LEU:N	2.83	0.42
4:E:170:ALA:O	4:E:172:PRO:HD3	2.19	0.42
4:E:300:SER:O	4:E:304:THR:HG23	2.18	0.42
4:E:300:SER:O	4:E:304:THR:CG2	2.67	0.42
1:A:406:VAL:HG12	1:A:605:GLU:CB	2.38	0.42
1:A:478:LEU:HD12	1:A:478:LEU:O	2.18	0.42
1:A:506:GLU:CB	1:A:508:ILE:CD1	2.94	0.42
1:A:573:GLY:N	1:A:574:LYS:HA	2.33	0.42
1:A:671:PRO:HB2	1:A:673:PHE:CZ	2.53	0.42
1:A:6:GLU:O	1:A:7:MET:HB2	2.20	0.42
1:A:717:ILE:CG2	1:A:718:LEU:N	2.82	0.42
2:B:137:ILE:CG2	2:B:138:LYS:N	2.82	0.42
2:B:74:GLU:O	2:B:75:ALA:HB2	2.19	0.42
3:C:108:PHE:CZ	3:C:112:LEU:CD2	3.02	0.42
3:C:95:ASN:N	3:C:96:PRO:HD3	2.34	0.42
4:D:21:PHE:CZ	4:D:96:VAL:HG11	2.55	0.42
4:D:286:ASP:O	4:D:290:ARG:HG3	2.20	0.42
4:D:65:LEU:HD13	4:D:67:LEU:CD2	2.48	0.42
4:D:64:ILE:CG2	4:D:65:LEU:N	2.82	0.42
4:E:242:LEU:HB2	4:E:244:ASP:OD1	2.20	0.42
4:E:332:PRO:HD2	4:E:335:ARG:HG2	2.01	0.42
1:A:151:ALA:HB1	1:A:152:PRO:CD	2.49	0.42
1:A:207:LYS:HZ3	1:A:453:GLN:HG2	1.84	0.42
1:A:210:GLN:HG3	1:A:212:GLY:H	1.85	0.42
1:A:287:ILE:HG13	1:A:287:ILE:H	1.51	0.42
1:A:319:GLU:OE2	1:A:319:GLU:HA	2.19	0.42
1:A:172:ASN:HB3	1:A:458:PHE:O	2.19	0.42
1:A:475:LEU:CD2	1:A:595:TRP:HB3	2.48	0.42

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:608:VAL:O	1:A:612:GLN:HG3	2.20	0.42
1:A:697:LEU:O	1:A:700:ASN:HB2	2.19	0.42
1:A:787:THR:HB	1:A:791:ARG:NH1	2.35	0.42
1:A:788:LEU:CD1	1:A:788:LEU:N	2.83	0.42
1:A:80:MET:CG	1:A:81:ASN:H	2.33	0.42
1:A:97:LEU:HD23	1:A:97:LEU:HA	1.76	0.42
1:A:811:ARG:NH1	2:B:120:PHE:CZ	2.87	0.42
3:C:115:LEU:HD13	3:C:115:LEU:C	2.39	0.42
4:E:134:VAL:HB	4:E:375:PHE:OXT	2.20	0.42
4:E:236:LEU:O	4:E:251:GLY:HA2	2.19	0.42
4:E:357:ILE:N	4:E:357:ILE:HD13	2.35	0.42
1:A:177:ILE:HD13	1:A:177:ILE:HA	1.86	0.42
1:A:188:ASN:HD22	1:A:188:ASN:H	1.67	0.42
1:A:144:ARG:NH2	1:A:198:THR:HG23	2.34	0.42
1:A:230:GLU:HB2	1:A:234:ASN:CG	2.40	0.42
1:A:249:PHE:CD2	1:A:251:ARG:CG	3.02	0.42
1:A:170:ARG:O	1:A:457:TYR:CZ	2.73	0.42
1:A:458:PHE:CD1	1:A:458:PHE:C	2.93	0.42
1:A:755:VAL:HG23	1:A:760:TYR:CE1	2.52	0.42
1:A:801:MET:O	1:A:804:GLU:HB2	2.19	0.42
1:A:804:GLU:C	1:A:808:MET:HE2	2.40	0.42
1:A:811:ARG:HG2	1:A:815:ILE:HG13	2.01	0.42
3:C:183:GLU:O	3:C:187:LYS:HB2	2.19	0.42
3:C:187:LYS:HA	3:C:187:LYS:HD2	1.48	0.42
3:C:85:THR:CG2	3:C:86:ASN:N	2.82	0.42
4:D:99:GLU:HG2	4:D:100:GLU:HG2	2.02	0.42
4:D:155:SER:O	4:D:301:GLY:HA3	2.20	0.42
4:D:275:HIS:CG	4:D:276:GLU:N	2.87	0.42
4:D:316:GLU:HA	4:D:316:GLU:OE1	2.19	0.42
4:D:357:ILE:HD12	4:D:357:ILE:HA	1.85	0.42
4:D:357:ILE:CG2	4:D:358:THR:N	2.83	0.42
4:D:357:ILE:HG13	4:D:370:VAL:HG23	1.96	0.42
1:A:232:PHE:CG	1:A:287:ILE:CG2	2.94	0.42
1:A:340:ILE:CG2	1:A:341:LEU:N	2.83	0.42
1:A:349:VAL:CG1	1:A:350:GLY:N	2.82	0.42
1:A:600:LYS:HG2	1:A:602:PRO:HD3	2.01	0.42
2:B:157:ILE:O	2:B:160:VAL:HG13	2.19	0.42
2:B:61:LEU:CD2	2:B:62:ASN:N	2.80	0.42
4:D:202:THR:OG1	4:D:205:GLU:HG3	2.18	0.42
4:D:335:ARG:O	4:D:338:SER:HB3	2.20	0.42
4:E:193:LEU:HA	4:E:193:LEU:HD23	1.71	0.42

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:E:150:GLY:HA3	4:E:296:ASN:HB2	2.01	0.42
1:A:113:TRP:CZ3	1:A:132:LEU:HD12	2.54	0.42
1:A:155:ILE:HG21	1:A:192:VAL:HG13	2.01	0.42
1:A:261:ALA:H	1:A:455:ARG:HB3	1.85	0.42
1:A:289:TYR:CD1	1:A:320:VAL:O	2.73	0.42
1:A:41:VAL:HB	1:A:76:GLN:NE2	2.35	0.42
1:A:419:VAL:CG1	1:A:420:GLN:N	2.83	0.42
1:A:796:CYS:O	1:A:800:LEU:HD23	2.20	0.42
1:A:81:ASN:HB2	1:A:94:MET:HE3	2.02	0.42
3:C:182:TYR:CD2	3:C:182:TYR:C	2.94	0.42
3:C:57:PHE:HA	3:C:60:TYR:CE2	2.52	0.42
3:C:88:GLU:CG	3:C:89:VAL:N	2.83	0.42
3:C:92:VAL:HG22	3:C:95:ASN:CA	2.37	0.42
4:D:113:LYS:HB3	4:D:371:HIS:CD2	2.55	0.42
4:D:371:HIS:CD2	4:D:372:ARG:HH11	2.38	0.42
4:E:120:THR:HA	4:E:132:MET:HE1	2.02	0.42
4:E:190:MET:CE	4:E:206:ARG:CG	2.98	0.42
4:E:67:LEU:HD23	4:E:67:LEU:N	2.35	0.42
1:A:2:SER:O	1:A:3:SER:CB	2.68	0.41
1:A:111:ALA:N	1:A:686:GLY:HA2	2.35	0.41
1:A:76:GLN:HG3	1:A:76:GLN:O	2.20	0.41
2:B:157:ILE:CG1	2:B:158:CYS:N	2.82	0.41
2:B:160:VAL:HG13	2:B:161:ILE:N	2.35	0.41
3:C:120:ASN:HA	3:C:120:ASN:HD22	1.41	0.41
3:C:170:MET:SD	3:C:186:VAL:HB	2.60	0.41
1:A:103:LEU:HD11	1:A:107:LYS:CD	2.45	0.41
1:A:388:TYR:HD2	1:A:388:TYR:C	2.24	0.41
1:A:406:VAL:CG1	1:A:414:THR:HG23	2.49	0.41
1:A:170:ARG:HB3	1:A:457:TYR:CZ	2.55	0.41
1:A:486:LYS:HE3	1:A:486:LYS:HB3	1.93	0.41
1:A:802:ARG:CZ	1:A:802:ARG:CB	2.99	0.41
1:A:844:LEU:CD2	1:A:844:LEU:N	2.84	0.41
2:B:39:ASP:C	2:B:41:ASN:H	2.23	0.41
2:B:60:ARG:HB2	2:B:60:ARG:HE	1.48	0.41
3:C:42:LYS:HZ3	3:C:113:PRO:CG	2.34	0.41
3:C:123:ASP:O	3:C:127:TYR:CD2	2.73	0.41
3:C:68:ILE:CG2	3:C:69:THR:N	2.83	0.41
4:D:117:GLU:HG2	4:D:367:PRO:HB2	2.02	0.41
4:D:227:MET:O	4:D:230:ALA:HB3	2.19	0.41
4:D:140:LEU:HD22	4:D:343:GLY:HA2	2.02	0.41
1:A:295:LYS:O	1:A:295:LYS:HD2	2.19	0.41

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:482:PHE:CZ	1:A:527:GLU:HB3	2.54	0.41
3:C:192:ILE:HG23	3:C:192:ILE:O	2.20	0.41
4:D:207:GLU:HA	4:D:207:GLU:OE2	2.20	0.41
4:D:97:ALA:HA	4:D:98:PRO:HD3	1.67	0.41
4:E:132:MET:HE2	4:E:132:MET:HB2	1.89	0.41
4:E:317:ILE:HA	4:E:317:ILE:HD13	1.70	0.41
4:E:143:TYR:CD2	4:E:346:LEU:HB2	2.54	0.41
1:A:125:THR:HG23	1:A:125:THR:O	2.19	0.41
1:A:245:ARG:NH2	1:A:274:ARG:HE	2.17	0.41
1:A:364:MET:SD	1:A:382:VAL:HG11	2.60	0.41
1:A:351:ILE:CG1	1:A:437:MET:CE	2.95	0.41
1:A:445:ILE:CG2	1:A:446:ASN:N	2.83	0.41
1:A:462:LEU:HD11	1:A:464:ILE:CG2	2.50	0.41
1:A:475:LEU:HD22	1:A:595:TRP:CB	2.48	0.41
3:C:106:ILE:HD13	3:C:106:ILE:O	2.20	0.41
4:D:183:ARG:HG2	4:D:184:ASP:H	1.77	0.41
1:A:260:LEU:HD13	1:A:260:LEU:C	2.40	0.41
1:A:306:SER:O	1:A:307:THR:HG23	2.21	0.41
1:A:367:LYS:HG2	1:A:378:ASP:HB2	2.01	0.41
1:A:171:ASP:HA	1:A:457:TYR:CD1	2.55	0.41
1:A:47:TYR:CD1	1:A:99:GLU:CD	2.92	0.41
1:A:645:GLY:HA2	4:D:23:GLY:CA	2.43	0.41
1:A:839:LYS:O	1:A:842:PRO:HD2	2.19	0.41
1:A:89:GLU:HA	1:A:109:ARG:NH1	2.35	0.41
1:A:819:GLN:HE22	2:B:130:ASP:H	1.66	0.41
2:B:55:PHE:O	2:B:58:MET:HB3	2.19	0.41
2:B:88:PHE:CD2	2:B:91:LYS:HE2	2.56	0.41
3:C:130:PHE:CD1	3:C:130:PHE:C	2.92	0.41
3:C:131:VAL:CG1	3:C:179:CYS:CB	2.96	0.41
3:C:180:ILE:CA	3:C:183:GLU:CG	2.95	0.41
3:C:43:ILE:HG22	3:C:45:PHE:H	1.84	0.41
3:C:98:ASN:CB	3:C:99:GLU:CA	2.92	0.41
4:D:200:PHE:CD1	4:D:209:VAL:CG2	3.03	0.41
4:D:349:LEU:HD23	4:D:349:LEU:HA	1.80	0.41
4:E:106:THR:CG2	4:E:140:LEU:CD1	2.96	0.41
4:E:294:TYR:HD1	4:E:327:ILE:CD1	2.32	0.41
1:A:199:ILE:HA	1:A:202:THR:OG1	2.20	0.41
1:A:235:ALA:HB3	1:A:245:ARG:HH11	1.86	0.41
1:A:351:ILE:HG23	1:A:352:TYR:N	2.35	0.41
1:A:429:LEU:O	1:A:429:LEU:HD23	2.21	0.41
1:A:513:ILE:CG2	1:A:514:ASP:N	2.82	0.41

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:524:GLU:CA	1:A:527:GLU:HG2	2.48	0.41
1:A:599:ASN:OD1	1:A:650:THR:HB	2.21	0.41
1:A:78:PHE:HD2	1:A:98:HIS:CD2	2.15	0.41
1:A:800:LEU:HD21	3:C:162:LYS:HB3	2.02	0.41
1:A:836:LEU:HA	1:A:839:LYS:HG3	2.02	0.41
2:B:116:ILE:HG22	2:B:117:LYS:O	2.20	0.41
3:C:70:LEU:CD1	3:C:71:SER:N	2.84	0.41
4:E:357:ILE:CG2	4:E:358:THR:N	2.83	0.41
4:E:37:ARG:H	4:E:66:THR:CG2	2.34	0.41
1:A:283:ARG:CD	1:A:322:VAL:CG2	2.98	0.41
1:A:364:MET:SD	1:A:382:VAL:CB	3.08	0.41
1:A:504:LYS:HA	1:A:504:LYS:HD2	1.90	0.41
1:A:578:HIS:NE2	1:A:591:ASN:CA	2.81	0.41
1:A:404:PRO:CB	1:A:606:THR:HB	2.41	0.41
1:A:618:LEU:CG	1:A:622:LEU:HD11	2.49	0.41
2:B:124:LEU:CD1	2:B:124:LEU:C	2.89	0.41
4:D:69:TYR:HB2	4:D:72:GLU:CA	2.50	0.41
4:D:82:MET:HE2	4:D:86:TRP:CE2	2.56	0.41
4:E:120:THR:HG23	4:E:132:MET:SD	2.60	0.41
4:E:189:LEU:HD12	4:E:189:LEU:C	2.40	0.41
4:E:299:MET:CE	4:E:309:ILE:CG1	2.98	0.41
1:A:231:ALA:O	1:A:286:HIS:HB2	2.21	0.41
1:A:236:LYS:CG	1:A:241:ASP:HA	2.36	0.41
1:A:305:ILE:HG22	1:A:306:SER:N	2.36	0.41
1:A:519:LEU:CD1	1:A:584:TYR:CB	2.98	0.41
2:B:159:TYR:C	2:B:159:TYR:CD2	2.94	0.41
2:B:51:LEU:CD1	2:B:68:LEU:HD11	2.50	0.41
3:C:137:PHE:O	3:C:137:PHE:CD2	2.74	0.41
4:D:107:GLU:HG2	4:D:108:ALA:O	2.20	0.41
4:D:285:CYS:CB	4:D:289:ILE:HD11	2.41	0.41
4:D:33:SER:O	4:D:69:TYR:CD2	2.74	0.41
4:D:372:ARG:O	4:D:373:LYS:HB2	2.20	0.41
4:D:50:LYS:CG	4:D:53:TYR:CE2	3.03	0.41
4:E:143:TYR:CZ	4:E:345:ILE:HG21	2.56	0.41
4:E:148:THR:CG2	4:E:149:THR:N	2.82	0.41
4:E:282:ILE:HG12	4:E:293:LEU:CD1	2.50	0.41
4:E:47:MET:CG	4:E:48:GLY:N	2.82	0.41
1:A:147:LYS:HB3	1:A:150:GLU:HG3	2.03	0.41
1:A:261:ALA:CB	1:A:455:ARG:HB3	2.51	0.41
1:A:485:GLU:HB3	1:A:523:ILE:HG21	2.03	0.41
1:A:544:LYS:HB2	1:A:544:LYS:HE2	1.87	0.41

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:B:169:GLN:O	2:B:169:GLN:HG2	2.20	0.41
2:B:42:ARG:CG	2:B:42:ARG:HH11	2.34	0.41
3:C:70:LEU:HB3	3:C:71:SER:H	1.62	0.41
4:D:219:VAL:HG12	4:D:220:ALA:N	2.36	0.41
4:E:171:LEU:HA	4:E:172:PRO:HD3	1.85	0.41
4:E:189:LEU:HA	4:E:192:ILE:HG12	2.03	0.41
4:E:299:MET:O	4:E:332:PRO:HD2	2.21	0.41
4:E:365:ALA:HB3	4:E:369:ILE:CD1	2.46	0.41
1:A:262:SER:HB3	1:A:451:THR:H	1.86	0.41
1:A:311:ASP:HB2	1:A:312:PHE:CE1	2.56	0.41
1:A:368:GLN:CG	1:A:376:GLU:CB	2.95	0.41
1:A:343:PHE:CD1	1:A:444:ARG:NH2	2.89	0.41
1:A:254:PHE:C	1:A:455:ARG:HA	2.40	0.41
1:A:174:SER:HA	1:A:460:GLY:H	1.86	0.41
1:A:506:GLU:HB2	1:A:508:ILE:HD11	1.98	0.41
1:A:537:GLU:O	1:A:540:CYS:HB2	2.20	0.41
1:A:694:MET:CE	1:A:697:LEU:CD1	2.95	0.41
1:A:762:PHE:N	1:A:762:PHE:CD1	2.89	0.41
1:A:784:LYS:O	1:A:788:LEU:HD13	2.21	0.41
1:A:805:PHE:CD1	3:C:53:PHE:HE1	2.38	0.41
1:A:822:ILE:CG1	1:A:823:ARG:N	2.83	0.41
2:B:159:TYR:CE2	2:B:165:ASP:O	2.74	0.41
2:B:55:PHE:O	2:B:59:GLY:HA2	2.21	0.41
3:C:43:ILE:CG2	3:C:44:GLU:N	2.83	0.41
1:A:795:LEU:CD2	3:C:80:LEU:HD21	2.48	0.41
4:D:170:ALA:O	4:D:172:PRO:HD3	2.21	0.41
4:D:251:GLY:HA2	4:D:254:ARG:CG	2.23	0.41
4:D:143:TYR:HD2	4:D:346:LEU:HD13	1.80	0.41
4:E:244:ASP:CG	4:E:246:GLN:HE21	2.24	0.41
1:A:137:PRO:O	1:A:141:THR:HG23	2.21	0.41
1:A:205:LYS:HB3	1:A:257:THR:HG23	2.02	0.41
1:A:25:ILE:HD12	1:A:26:GLU:H	1.78	0.41
1:A:265:ILE:CD1	1:A:265:ILE:N	2.85	0.41
1:A:338:ILE:HA	1:A:341:LEU:CD1	2.50	0.41
3:C:90:LYS:CB	3:C:111:PHE:CE2	2.95	0.41
3:C:148:ALA:HB1	3:C:163:GLU:HG2	2.01	0.41
4:D:210:ARG:CG	4:D:210:ARG:HH11	2.34	0.41
4:E:149:THR:CG2	4:E:150:GLY:N	2.82	0.41
4:E:150:GLY:CA	4:E:296:ASN:HB2	2.50	0.41
4:E:312:ARG:HG3	4:E:312:ARG:O	2.20	0.41
1:A:104:TYR:CE1	1:A:108:GLU:CG	3.03	0.40

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:161:ASN:O	1:A:165:PHE:CD2	2.74	0.40
1:A:277:PHE:CZ	1:A:278:GLN:O	2.75	0.40
1:A:32:PHE:CD2	1:A:83:PRO:CD	3.03	0.40
1:A:173:GLN:C	1:A:459:ILE:HG23	2.41	0.40
1:A:474:SER:CA	1:A:595:TRP:CZ2	3.04	0.40
2:B:140:MET:SD	2:B:145:SER:HB3	2.61	0.40
3:C:166:VAL:CG2	3:C:167:GLU:N	2.84	0.40
4:D:37:ARG:HD3	4:D:37:ARG:HH11	1.75	0.40
4:D:288:ASP:HA	4:E:243:PRO:HB2	2.03	0.40
1:A:102:VAL:CG2	1:A:103:LEU:N	2.84	0.40
1:A:183:ALA:HB3	1:A:185:LYS:H	1.87	0.40
1:A:626:TYR:CG	1:A:627:ALA:N	2.89	0.40
1:A:644:LYS:C	1:A:646:SER:H	2.23	0.40
3:C:54:LYS:HE2	3:C:65:ASP:OD2	2.20	0.40
4:E:165:ILE:N	4:E:165:ILE:HD12	2.36	0.40
4:E:297:ASN:OD1	4:E:329:ILE:HD11	2.21	0.40
4:E:332:PRO:HA	4:E:333:PRO:HD3	1.81	0.40
1:A:115:ILE:CD1	1:A:116:TYR:CE2	3.04	0.40
1:A:234:ASN:N	1:A:245:ARG:CG	2.83	0.40
1:A:234:ASN:O	1:A:235:ALA:HB2	2.21	0.40
1:A:351:ILE:CD1	1:A:437:MET:CE	2.99	0.40
2:B:58:MET:HE3	2:B:60:ARG:CZ	2.50	0.40
3:C:128:GLU:CG	3:C:180:ILE:CG2	2.99	0.40
3:C:53:PHE:CE2	3:C:73:VAL:O	2.75	0.40
4:D:140:LEU:HA	4:D:140:LEU:HD23	1.85	0.40
4:D:233:SER:HB3	4:D:236:LEU:CG	2.45	0.40
1:A:159:SER:HB3	1:A:195:TYR:CE2	2.55	0.40
1:A:16:TYR:HB2	1:A:134:VAL:HG22	2.02	0.40
1:A:245:ARG:H	1:A:245:ARG:HG2	1.56	0.40
1:A:292:MET:SD	1:A:309:PRO:HB3	2.62	0.40
1:A:398:LEU:HD23	1:A:398:LEU:HA	1.87	0.40
1:A:72:LEU:HB3	1:A:76:GLN:CG	2.43	0.40
4:E:148:THR:O	4:E:165:ILE:HG22	2.21	0.40
4:E:8:LEU:HA	4:E:8:LEU:HD23	1.92	0.40
1:A:116:TYR:CE1	1:A:125:THR:CB	3.02	0.40
1:A:192:VAL:O	1:A:195:TYR:HB3	2.22	0.40
1:A:38:CYS:HB3	1:A:39:PHE:H	1.54	0.40
1:A:446:ASN:HA	1:A:449:LEU:HB2	2.03	0.40
1:A:789:MET:HG3	3:C:130:PHE:CZ	2.57	0.40
4:D:36:GLY:H	4:D:52:SER:HB2	1.86	0.40
4:E:143:TYR:CE2	4:E:346:LEU:CB	3.02	0.40

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:E:142:LEU:HD21	4:E:165:ILE:HG12	2.03	0.40
4:E:49:GLN:O	4:E:50:LYS:HD3	2.21	0.40

There are no symmetry-related clashes.

## 5.3 Torsion angles [i](#)

### 5.3.1 Protein backbone [i](#)

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all PDB entries followed by that with respect to all EM 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	843/845 (100%)	776 (92%)	42 (5%)	25 (3%)	5	42
2	B	144/146 (99%)	116 (81%)	17 (12%)	11 (8%)	1	20
3	C	151/153 (99%)	121 (80%)	15 (10%)	15 (10%)	1	14
4	D	372/375 (99%)	338 (91%)	24 (6%)	10 (3%)	6	44
4	E	372/375 (99%)	343 (92%)	18 (5%)	11 (3%)	5	42
All	All	1882/1894 (99%)	1694 (90%)	116 (6%)	72 (4%)	7	37

All (72) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	2	SER
1	A	3	SER
1	A	46	MET
1	A	215	GLN
1	A	269	LEU
1	A	307	THR
1	A	367	LYS
1	A	369	LYS
1	A	380	THR
1	A	453	GLN
1	A	614	SER
2	B	39	ASP

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
2	B	62	ASN
2	B	75	ALA
2	B	111	GLU
2	B	167	LYS
3	C	46	SER
3	C	62	ARG
3	C	67	LYS
3	C	94	GLY
3	C	116	GLN
3	C	136	VAL
3	C	157	LEU
4	D	43	VAL
4	D	97	ALA
4	D	373	LYS
4	E	3	ASP
4	E	4	GLU
4	E	43	VAL
4	E	44	MET
1	A	262	SER
1	A	408	VAL
1	A	642	LYS
1	A	705	GLY
2	B	44	GLY
2	B	65	ASN
2	B	165	ASP
3	C	43	ILE
3	C	90	LYS
3	C	189	ILE
4	D	3	ASP
4	D	238	LYS
1	A	19	LYS
1	A	205	LYS
1	A	280	SER
1	A	344	SER
1	A	425	SER
1	A	646	SER
2	B	98	GLU
3	C	70	LEU
3	C	192	ILE
4	D	4	GLU
4	D	44	MET
4	D	158	GLY

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
4	D	181	ALA
4	E	41	GLN
4	E	54	VAL
1	A	624	SER
2	B	27	GLN
2	B	169	GLN
3	C	97	SER
3	C	154	LEU
4	E	181	ALA
4	E	323	SER
4	E	374	CYS
1	A	296	LYS
1	A	457	TYR
1	A	601	ASP
3	C	152	HIS
4	E	238	LYS
4	D	54	VAL
4	E	158	GLY

### 5.3.2 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 EM 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	738/738 (100%)	566 (77%)	172 (23%)	1	8
2	B	125/125 (100%)	86 (69%)	39 (31%)	0	3
3	C	131/131 (100%)	76 (58%)	55 (42%)	0	0
4	D	317/317 (100%)	255 (80%)	62 (20%)	1	13
4	E	317/317 (100%)	261 (82%)	56 (18%)	2	17
All	All	1628/1628 (100%)	1244 (76%)	384 (24%)	3	7

All (384) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	1	MET

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	A	4	ASP
1	A	9	ILE
1	A	17	LEU
1	A	18	ARG
1	A	19	LYS
1	A	21	GLU
1	A	24	ARG
1	A	26	GLU
1	A	28	GLN
1	A	29	ASN
1	A	33	ASP
1	A	35	LYS
1	A	36	LYS
1	A	41	VAL
1	A	43	ASP
1	A	45	GLU
1	A	46	MET
1	A	49	LYS
1	A	51	MET
1	A	54	SER
1	A	55	ARG
1	A	57	ASN
1	A	59	LYS
1	A	69	THR
1	A	71	THR
1	A	74	SER
1	A	76	GLN
1	A	86	ASP
1	A	87	LYS
1	A	91	MET
1	A	95	THR
1	A	102	VAL
1	A	106	LEU
1	A	115	ILE
1	A	130	LYS
1	A	132	LEU
1	A	138	GLU
1	A	144	ARG
1	A	147	LYS
1	A	159	SER
1	A	176	LEU
1	A	190	LYS

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	A	191	ARG
1	A	192	VAL
1	A	198	THR
1	A	199	ILE
1	A	201	VAL
1	A	206	LYS
1	A	207	LYS
1	A	210	GLN
1	A	217	THR
1	A	219	GLU
1	A	236	LYS
1	A	240	ASN
1	A	245	ARG
1	A	250	ILE
1	A	253	HIS
1	A	257	THR
1	A	259	LYS
1	A	260	LEU
1	A	262	SER
1	A	264	ASP
1	A	266	GLU
1	A	268	TYR
1	A	269	LEU
1	A	271	GLU
1	A	279	LEU
1	A	295	LYS
1	A	301	ASP
1	A	307	THR
1	A	315	VAL
1	A	327	ASP
1	A	328	SER
1	A	330	GLU
1	A	338	ILE
1	A	340	ILE
1	A	341	LEU
1	A	344	SER
1	A	345	SER
1	A	351	ILE
1	A	364	MET
1	A	365	LYS
1	A	367	LYS
1	A	369	LYS

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	A	370	GLN
1	A	372	GLU
1	A	374	GLN
1	A	376	GLU
1	A	388	TYR
1	A	390	MET
1	A	397	MET
1	A	399	LYS
1	A	401	LEU
1	A	403	CYS
1	A	408	VAL
1	A	411	GLU
1	A	412	TYR
1	A	415	LYS
1	A	418	ASN
1	A	420	GLN
1	A	431	LYS
1	A	449	LEU
1	A	452	LYS
1	A	453	GLN
1	A	455	ARG
1	A	456	GLN
1	A	459	ILE
1	A	462	LEU
1	A	464	ILE
1	A	468	GLU
1	A	471	ASP
1	A	475	LEU
1	A	488	GLN
1	A	500	GLN
1	A	508	ILE
1	A	517	MET
1	A	518	ASP
1	A	523	ILE
1	A	526	ILE
1	A	536	LEU
1	A	544	LYS
1	A	551	LYS
1	A	567	LYS
1	A	574	LYS
1	A	582	VAL
1	A	584	TYR

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	A	591	ASN
1	A	601	ASP
1	A	603	LEU
1	A	608	VAL
1	A	613	LYS
1	A	616	LEU
1	A	617	LYS
1	A	634	SER
1	A	637	SER
1	A	642	LYS
1	A	643	LYS
1	A	644	LYS
1	A	646	SER
1	A	651	VAL
1	A	652	SER
1	A	659	LEU
1	A	667	ARG
1	A	675	ARG
1	A	677	LEU
1	A	683	LYS
1	A	707	ARG
1	A	710	ARG
1	A	711	LYS
1	A	724	GLN
1	A	727	ARG
1	A	740	ILE
1	A	742	SER
1	A	746	SER
1	A	748	LYS
1	A	767	VAL
1	A	770	LYS
1	A	781	ARG
1	A	783	GLU
1	A	789	MET
1	A	790	THR
1	A	797	ARG
1	A	801	MET
1	A	807	LYS
1	A	827	ASN
1	A	828	VAL
1	A	829	LYS
1	A	836	LEU

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	A	839	LYS
1	A	841	LYS
1	A	845	LYS
2	B	25	GLN
2	B	31	PHE
2	B	32	LYS
2	B	36	THR
2	B	40	GLN
2	B	45	ILE
2	B	47	ASP
2	B	48	LYS
2	B	51	LEU
2	B	58	MET
2	B	60	ARG
2	B	61	LEU
2	B	62	ASN
2	B	63	VAL
2	B	71	MET
2	B	73	LYS
2	B	82	THR
2	B	83	VAL
2	B	90	GLU
2	B	91	LYS
2	B	92	LEU
2	B	93	LYS
2	B	106	LYS
2	B	108	LEU
2	B	113	LYS
2	B	118	LYS
2	B	119	GLN
2	B	124	LEU
2	B	128	GLN
2	B	131	ARG
2	B	135	GLU
2	B	136	GLU
2	B	137	ILE
2	B	140	MET
2	B	155	LYS
2	B	159	TYR
2	B	165	ASP
2	B	167	LYS
2	B	168	ASP

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
3	C	41	ILE
3	C	45	PHE
3	C	46	SER
3	C	47	LYS
3	C	48	GLU
3	C	50	GLN
3	C	52	GLU
3	C	54	LYS
3	C	57	PHE
3	C	58	LEU
3	C	62	ARG
3	C	67	LYS
3	C	68	ILE
3	C	75	ASP
3	C	76	VAL
3	C	77	LEU
3	C	78	ARG
3	C	80	LEU
3	C	90	LYS
3	C	91	LYS
3	C	92	VAL
3	C	95	ASN
3	C	104	LYS
3	C	105	LYS
3	C	106	ILE
3	C	112	LEU
3	C	115	LEU
3	C	120	ASN
3	C	122	LYS
3	C	124	GLN
3	C	126	THR
3	C	128	GLU
3	C	129	ASP
3	C	130	PHE
3	C	131	VAL
3	C	132	GLU
3	C	135	ARG
3	C	136	VAL
3	C	138	ASP
3	C	142	ASN
3	C	144	THR
3	C	149	GLU

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
3	C	151	ARG
3	C	156	THR
3	C	157	LEU
3	C	160	LYS
3	C	163	GLU
3	C	164	GLU
3	C	174	GLU
3	C	179	CYS
3	C	180	ILE
3	C	183	GLU
3	C	187	LYS
3	C	189	ILE
3	C	190	MET
4	D	1	ASP
4	D	10	CYS
4	D	18	LYS
4	D	28	ARG
4	D	34	ILE
4	D	35	VAL
4	D	37	ARG
4	D	43	VAL
4	D	47	MET
4	D	49	GLN
4	D	51	ASP
4	D	56	ASP
4	D	57	GLU
4	D	59	GLN
4	D	61	LYS
4	D	65	LEU
4	D	66	THR
4	D	68	LYS
4	D	69	TYR
4	D	85	ILE
4	D	107	GLU
4	D	113	LYS
4	D	118	LYS
4	D	121	GLN
4	D	129	VAL
4	D	134	VAL
4	D	139	VAL
4	D	142	LEU
4	D	143	TYR

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
4	D	145	SER
4	D	147	ARG
4	D	148	THR
4	D	149	THR
4	D	167	GLU
4	D	171	LEU
4	D	180	LEU
4	D	183	ARG
4	D	186	THR
4	D	196	ARG
4	D	208	ILE
4	D	232	SER
4	D	233	SER
4	D	236	LEU
4	D	244	ASP
4	D	250	ILE
4	D	256	ARG
4	D	267	ILE
4	D	286	ASP
4	D	287	ILE
4	D	309	ILE
4	D	312	ARG
4	D	315	LYS
4	D	335	ARG
4	D	349	LEU
4	D	350	SER
4	D	354	GLN
4	D	357	ILE
4	D	369	ILE
4	D	370	VAL
4	D	372	ARG
4	D	373	LYS
4	D	374	CYS
4	E	8	LEU
4	E	18	LYS
4	E	34	ILE
4	E	49	GLN
4	E	51	ASP
4	E	56	ASP
4	E	57	GLU
4	E	60	SER
4	E	61	LYS

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
4	E	68	LYS
4	E	82	MET
4	E	95	ARG
4	E	103	THR
4	E	104	LEU
4	E	113	LYS
4	E	132	MET
4	E	139	VAL
4	E	141	SER
4	E	143	TYR
4	E	145	SER
4	E	147	ARG
4	E	151	ILE
4	E	157	ASP
4	E	167	GLU
4	E	176	MET
4	E	189	LEU
4	E	191	LYS
4	E	196	ARG
4	E	199	SER
4	E	208	ILE
4	E	232	SER
4	E	236	LEU
4	E	238	LYS
4	E	239	SER
4	E	244	ASP
4	E	248	ILE
4	E	250	ILE
4	E	257	CYS
4	E	269	MET
4	E	274	ILE
4	E	285	CYS
4	E	286	ASP
4	E	287	ILE
4	E	297	ASN
4	E	300	SER
4	E	312	ARG
4	E	315	LYS
4	E	323	SER
4	E	324	THR
4	E	329	ILE
4	E	335	ARG

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
4	E	346	LEU
4	E	350	SER
4	E	370	VAL
4	E	372	ARG
4	E	373	LYS

Some sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (58) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	29	ASN
1	A	53	GLN
1	A	76	GLN
1	A	98	HIS
1	A	105	ASN
1	A	161	ASN
1	A	188	ASN
1	A	210	GLN
1	A	221	GLN
1	A	240	ASN
1	A	242	ASN
1	A	286	HIS
1	A	360	HIS
1	A	370	GLN
1	A	393	ASN
1	A	421	GLN
1	A	424	ASN
1	A	453	GLN
1	A	456	GLN
1	A	488	GLN
1	A	557	GLN
1	A	558	HIS
1	A	583	HIS
1	A	649	GLN
1	A	665	ASN
1	A	670	HIS
1	A	672	HIS
1	A	690	HIS
1	A	793	GLN
1	A	819	GLN
1	A	821	ASN
1	A	827	ASN
1	A	835	ASN

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
2	B	25	GLN
2	B	27	GLN
2	B	29	GLN
2	B	62	ASN
2	B	65	ASN
2	B	119	GLN
2	B	139	ASN
3	C	72	GLN
3	C	86	ASN
3	C	120	ASN
3	C	142	ASN
3	C	152	HIS
3	C	177	ASN
4	D	49	GLN
4	D	92	ASN
4	D	121	GLN
4	D	246	GLN
4	D	297	ASN
4	D	353	GLN
4	D	360	GLN
4	E	59	GLN
4	E	92	ASN
4	E	162	ASN
4	E	246	GLN
4	E	353	GLN

### 5.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

## 5.4 Non-standard residues in protein, DNA, RNA chains ⓘ

2 non-standard protein/DNA/RNA residues are modelled in this entry.

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

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	# Z  > 2	Counts	RMSZ	# Z  > 2
4	HIC	D	73	4	6,11,12	1.14	0	6,14,16	1.37	2 (33%)
4	HIC	E	73	4	6,11,12	1.14	0	6,14,16	1.42	2 (33%)

In the following table, the Chirals column lists the number of chiral outliers, the number of chiral centers analysed, the number of these observed in the model and the number defined in the chemical component dictionary. Similar counts are reported in the Torsion and Rings columns. '-' means no outliers of that kind were identified.

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
4	HIC	D	73	4	-	0/4/6/8	0/1/1/1
4	HIC	E	73	4	-	0/4/6/8	0/1/1/1

There are no bond length outliers.

All (4) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed( $^{\circ}$ )	Ideal( $^{\circ}$ )
4	E	73	HIC	O-C-CA	-2.21	119.80	125.72
4	D	73	HIC	O-C-CA	-2.17	119.91	125.72
4	D	73	HIC	CG-CD2-NE2	2.08	110.02	107.63
4	E	73	HIC	CG-CD2-NE2	2.19	110.14	107.63

There are no chirality outliers.

There are no torsion outliers.

There are no ring outliers.

1 monomer is involved in 2 short contacts:

Mol	Chain	Res	Type	Clashes	Symm-Clashes
4	E	73	HIC	2	0

## 5.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

## 5.6 Ligand geometry [i](#)

2 ligands are modelled in this entry.

In the following table, the Counts columns list the number of bonds (or angles) for which Mogul statistics could be retrieved, the number of bonds (or angles) that are observed in the model and

the number of bonds (or angles) that are defined in the chemical component dictionary. The Link column lists molecule types, if any, to which the group is linked. The Z score for a bond length (or angle) is the number of standard deviations the observed value is removed from the expected value. A bond length (or angle) with  $|Z| > 2$  is considered an outlier worth inspection. RMSZ is the root-mean-square of all Z scores of the bond lengths (or angles).

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	# Z  > 2	Counts	RMSZ	# Z  > 2
5	ADP	D	401	-	24,29,29	1.21	2 (8%)	23,45,45	1.55	3 (13%)
5	ADP	E	401	-	24,29,29	1.22	2 (8%)	23,45,45	1.54	3 (13%)

In the following table, the Chirals column lists the number of chiral outliers, the number of chiral centers analysed, the number of these observed in the model and the number defined in the chemical component dictionary. Similar counts are reported in the Torsion and Rings columns. '-' means no outliers of that kind were identified.

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
5	ADP	D	401	-	-	0/12/32/32	0/3/3/3
5	ADP	E	401	-	-	0/12/32/32	0/3/3/3

All (4) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
5	E	401	ADP	PB-O2B	-2.06	1.47	1.54
5	D	401	ADP	PB-O2B	-2.01	1.47	1.54
5	D	401	ADP	C2-N1	2.83	1.39	1.33
5	E	401	ADP	C2-N1	2.92	1.39	1.33

All (6) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
5	D	401	ADP	N3-C2-N1	-4.69	125.19	128.87
5	E	401	ADP	N3-C2-N1	-4.62	125.24	128.87
5	E	401	ADP	C2-N1-C6	2.15	122.61	118.77
5	D	401	ADP	C2-N1-C6	2.17	122.65	118.77
5	E	401	ADP	O3B-PB-O2B	2.33	115.98	107.44
5	D	401	ADP	O3B-PB-O2B	2.34	116.04	107.44

There are no chirality outliers.

There are no torsion outliers.

There are no ring outliers.

2 monomers are involved in 11 short contacts:

Mol	Chain	Res	Type	Clashes	Symm-Clashes
5	D	401	ADP	7	0
5	E	401	ADP	4	0

## 5.7 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.

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

There are no chain breaks in this entry.