



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Apr 27, 2016 – 02:02 AM BST

PDB ID : 2LUS
Title : NMR structure of Carinoscorpius rotundicauda thioredoxin related protein 16 and its role in regulating transcription factor NF-kB activity
Authors : Giri, P.K.; Fan, J.; Kunchithapadam, S.; Sivaraman, J.
Deposited on : 2012-06-21

This is a Full wwPDB NMR Structure Validation Report for a publicly released PDB entry.
We welcome your comments at validation@mail.wwpdb.org
A user guide is available at
<http://wwpdb.org/validation/2016/NMRValidationReportHelp>
with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

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

Cyrange : Kirchner and Güntert (2011)
NmrClust : Kelley et al. (1996)
MolProbity : 4.02b-467
Mogul : unknown
Percentile statistics : 20151230.v01 (using entries in the PDB archive December 30th 2015)
RCI : v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV : Wang et al. (2010)
ShiftChecker : rb-20027457
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : rb-20027457

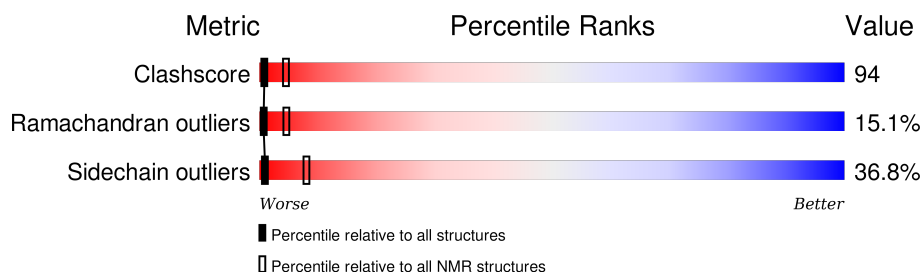
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

SOLUTION NMR

The overall completeness of chemical shifts assignment is 78%.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	NMR archive (#Entries)
Clashscore	114402	11133
Ramachandran outliers	111179	9975
Sidechain outliers	111093	9958

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

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	143	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. Model 2 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *lowest energy*.

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

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:4-A:35, A:43-A:143 (133)	0.30	2

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

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

The models can be grouped into 4 clusters. No single-model clusters were found.

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

3 Entry composition [i](#)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2231 atoms, of which 1104 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Thioredoxin.

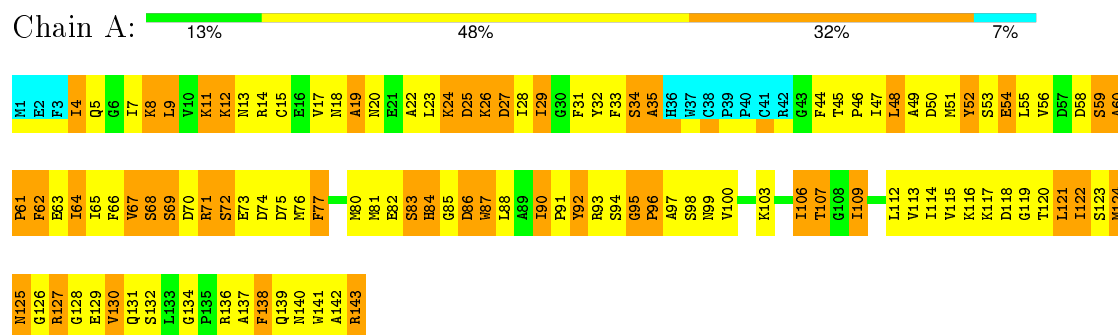
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	143	Total	C	H	N	O	S	0
			2231	719	1104	189	210	9	

4 Residue-property plots

4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

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

- Molecule 1: Thioredoxin

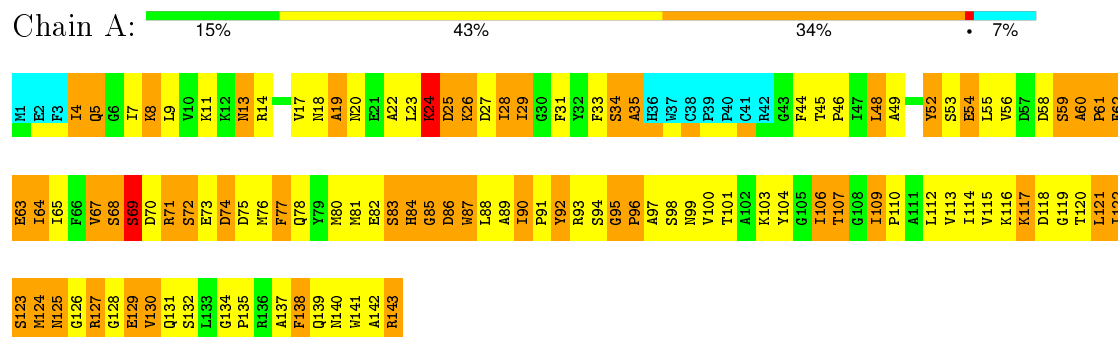


4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

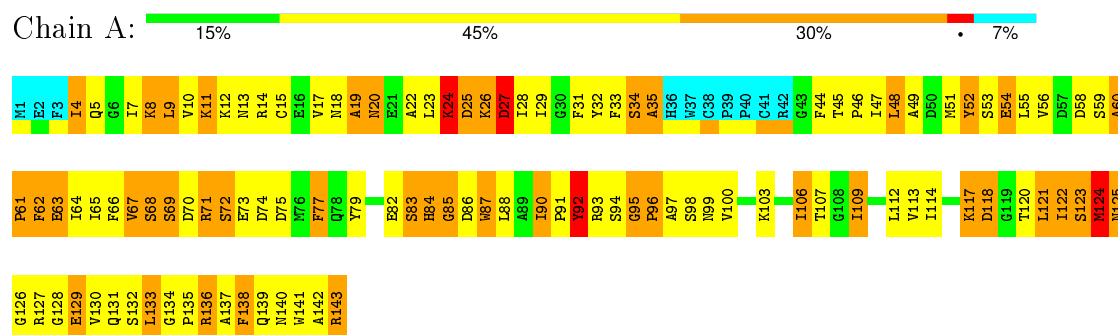
4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: Thioredoxin



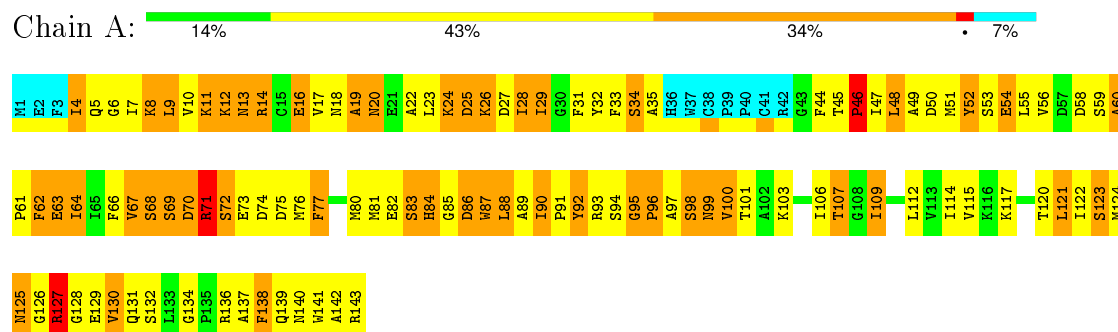
4.2.2 Score per residue for model 2 (medoid)

- Molecule 1: Thioredoxin



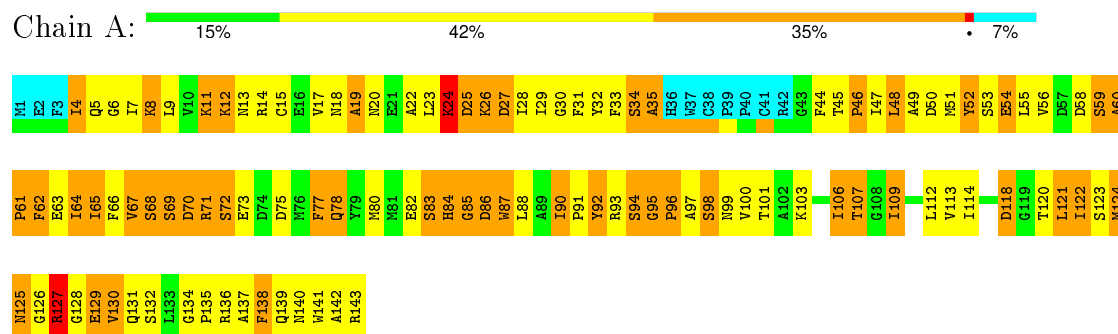
4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: Thioredoxin



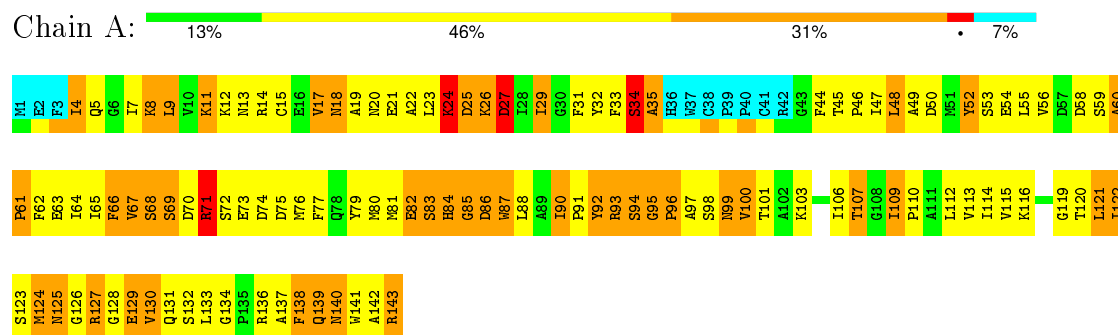
4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: Thioredoxin



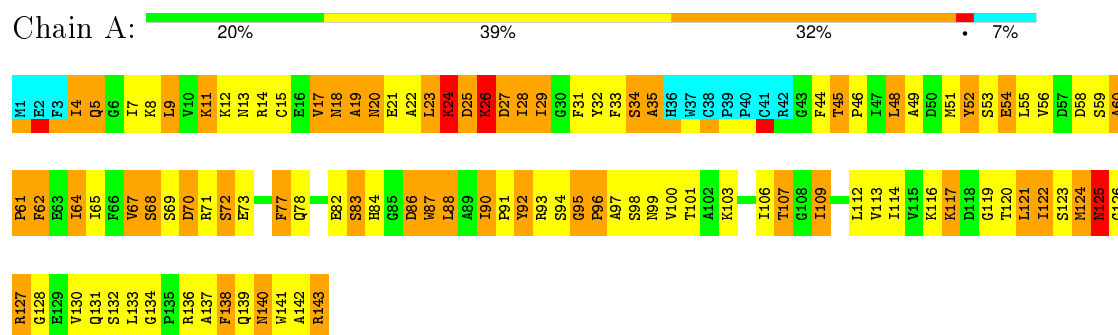
4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: Thioredoxin



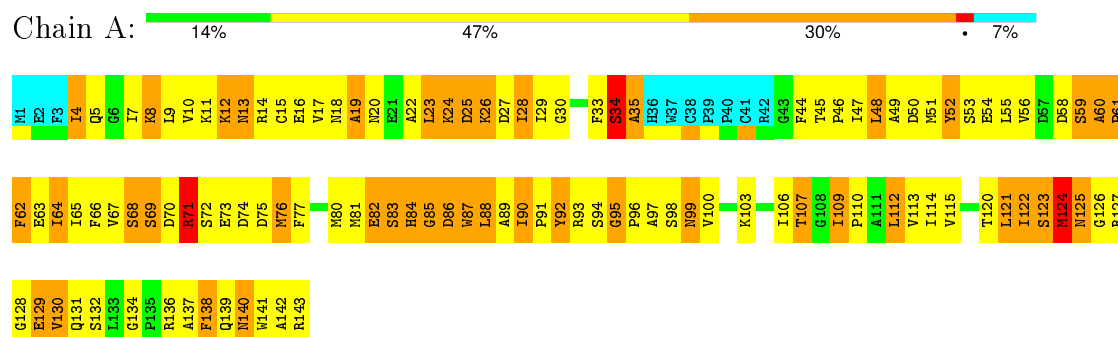
4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: Thioredoxin



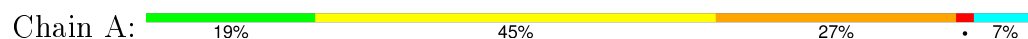
4.2.7 Score per residue for model 7

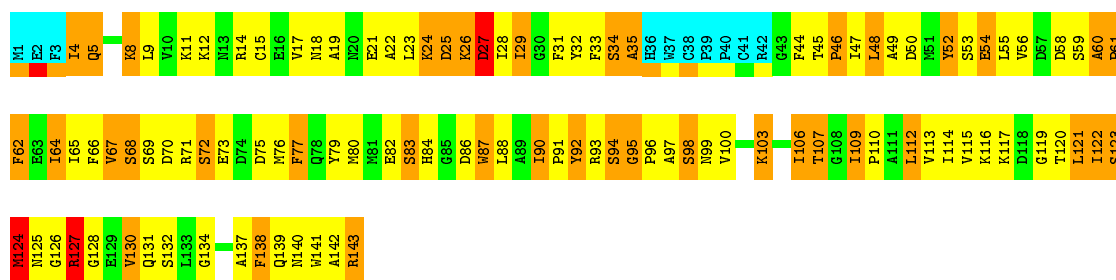
- Molecule 1: Thioredoxin



4.2.8 Score per residue for model 8


- Molecule 1: Thioredoxin

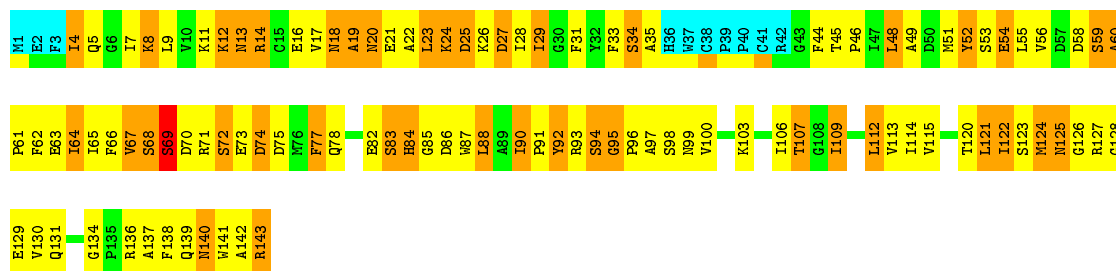




4.2.9 Score per residue for model 9


- Molecule 1: Thioredoxin

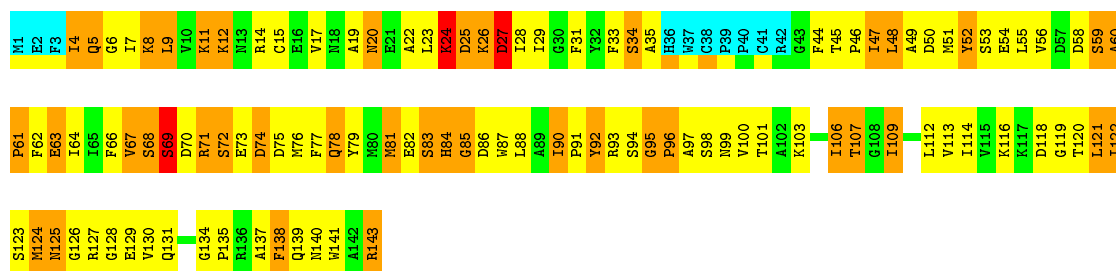
Chain A:  20% 44% 29% 7%



4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: Thioredoxin

Chain A:  17% 46% 28% 7%

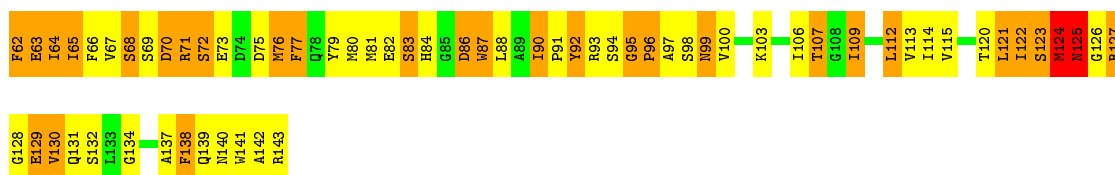


4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: Thioredoxin

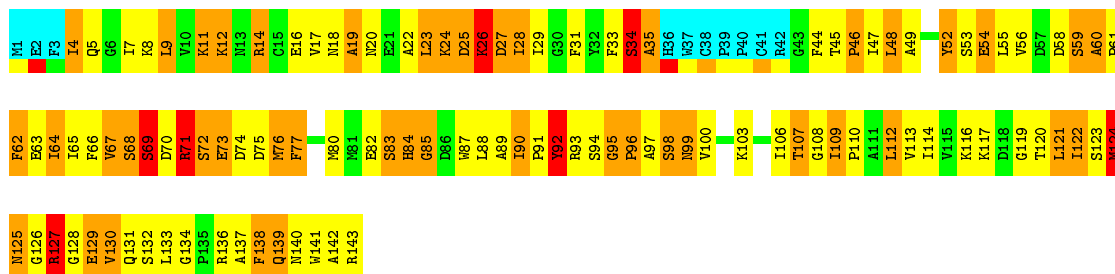
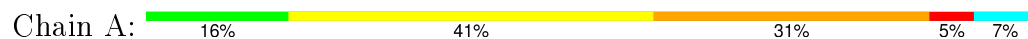
Chain A: 18% 41% 31% • 7%





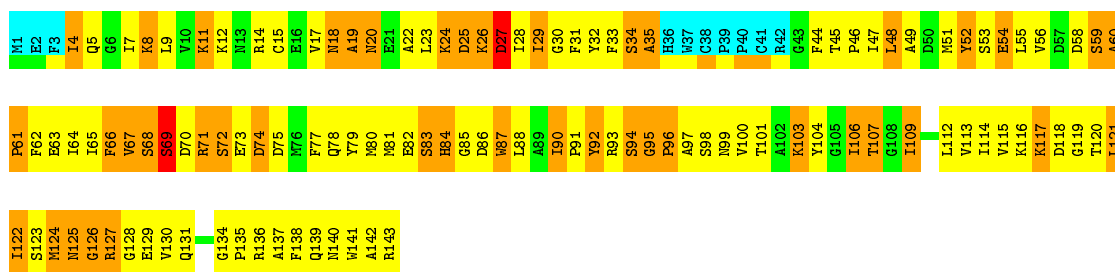
4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: Thioredoxin



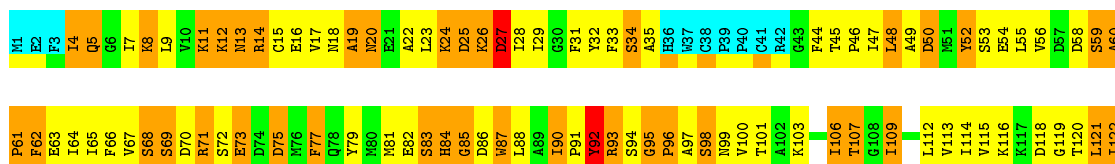
4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: Thioredoxin



4.2.14 Score per residue for model 14

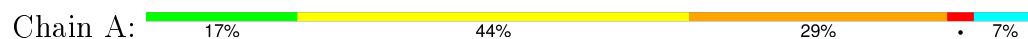
- Molecule 1: Thioredoxin





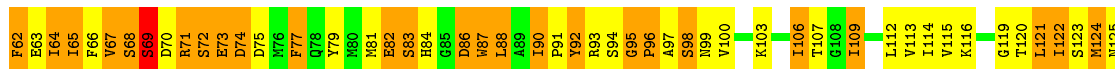
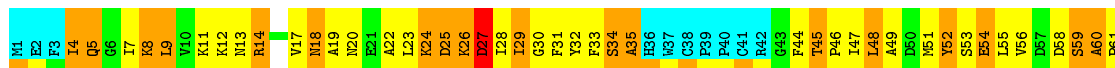
4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: Thioredoxin



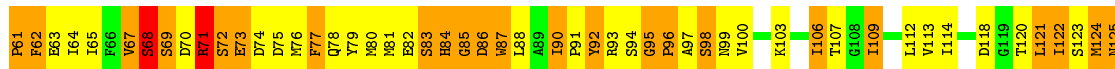
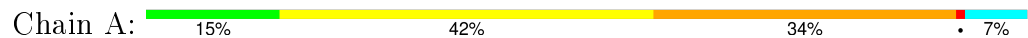
4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: Thioredoxin



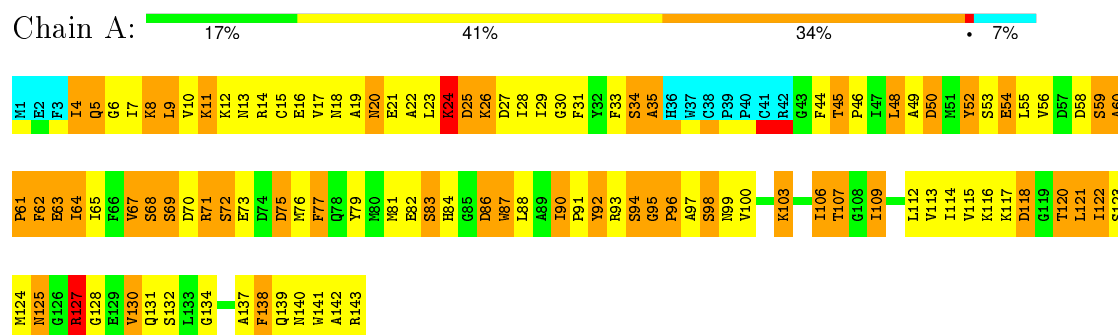
4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: Thioredoxin



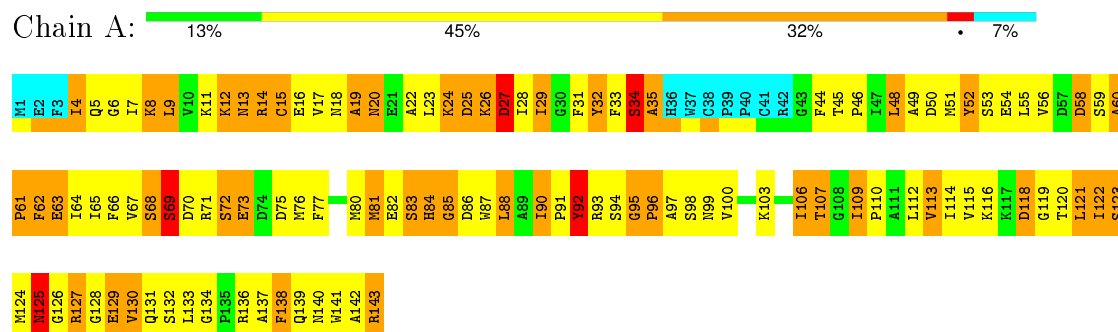
4.2.18 Score per residue for model 18

• Molecule 1: Thioredoxin



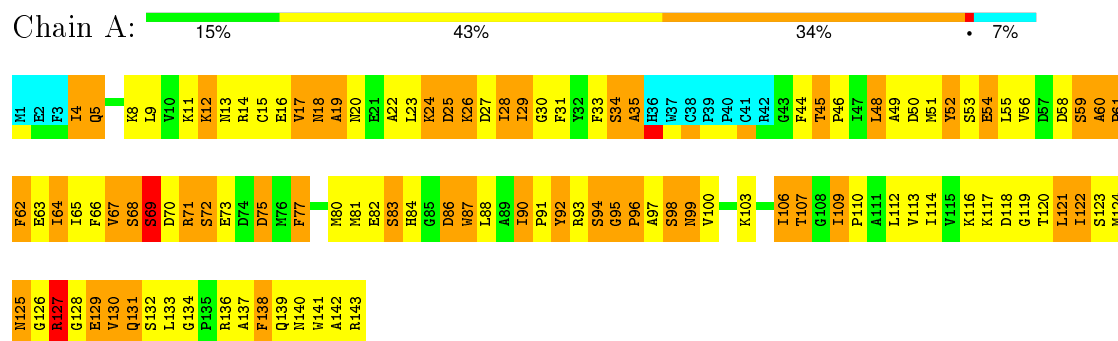
4.2.19 Score per residue for model 19

• Molecule 1: Thioredoxin



4.2.20 Score per residue for model 20

• Molecule 1: Thioredoxin



5 Refinement protocol and experimental data overview

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

Of the 100 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *structures with the lowest energy*.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR NIH	structure solution	
X-PLOR NIH	refinement	

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

Chemical shift file(s)	2lus_cs.str
Number of chemical shift lists	1
Total number of shifts	1450
Number of shifts mapped to atoms	1450
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Assignment completeness (well-defined parts)	78%

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

6 Model quality ⓘ

6.1 Standard geometry ⓘ

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

There are no bond-length outliers.

There are no bond-angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

6.2 Too-close contacts ⓘ

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

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes
1	A	1038	1023	1022	194±13
All	All	20760	20460	20440	3889

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 94.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:88:LEU:HD22	1:A:88:LEU:H	1.07	1.04	6	4
1:A:48:LEU:HD12	1:A:48:LEU:O	1.01	1.55	3	12
1:A:48:LEU:O	1:A:48:LEU:HD12	1.00	1.56	20	8
1:A:70:ASP:O	1:A:72:SER:N	0.97	1.98	13	20
1:A:9:LEU:HD13	1:A:19:ALA:HB2	0.95	1.38	8	15
1:A:67:VAL:HG12	1:A:68:SER:H	0.94	1.23	14	6
1:A:52:TYR:O	1:A:56:VAL:HG23	0.94	1.62	15	20
1:A:121:LEU:HD13	1:A:122:ILE:N	0.93	1.79	18	20
1:A:68:SER:O	1:A:70:ASP:N	0.91	2.02	13	20
1:A:88:LEU:HD22	1:A:88:LEU:N	0.90	1.80	19	3
1:A:121:LEU:HD11	1:A:124:MET:SD	0.89	2.07	7	12
1:A:121:LEU:HD21	1:A:124:MET:SD	0.89	2.07	7	9
1:A:49:ALA:HB1	1:A:83:SER:OG	0.87	1.68	7	4
1:A:113:VAL:HG13	1:A:124:MET:CE	0.87	2.00	15	15

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:122:ILE:HG23	1:A:123:SER:H	0.87	1.30	7	20
1:A:109:ILE:HD13	1:A:109:ILE:N	0.85	1.85	14	10
1:A:109:ILE:N	1:A:109:ILE:HD13	0.85	1.85	15	10
1:A:52:TYR:CE1	1:A:83:SER:O	0.85	2.29	18	20
1:A:138:PHE:O	1:A:142:ALA:HB3	0.85	1.71	2	16
1:A:109:ILE:H	1:A:109:ILE:HD13	0.84	1.33	4	8
1:A:109:ILE:HD13	1:A:109:ILE:H	0.84	1.33	2	12
1:A:48:LEU:HD23	1:A:84:HIS:NE2	0.83	1.89	3	14
1:A:52:TYR:CD1	1:A:53:SER:N	0.81	2.48	3	20
1:A:44:PHE:CE2	1:A:131:GLN:NE2	0.81	2.49	8	8
1:A:96:PRO:O	1:A:100:VAL:HG23	0.80	1.76	15	20
1:A:109:ILE:CD1	1:A:109:ILE:H	0.80	1.88	11	7
1:A:109:ILE:H	1:A:109:ILE:CD1	0.80	1.87	17	13
1:A:48:LEU:HD23	1:A:84:HIS:CE1	0.80	2.11	1	14
1:A:121:LEU:HD11	1:A:124:MET:CE	0.80	2.07	3	3
1:A:88:LEU:N	1:A:88:LEU:HD22	0.80	1.86	7	1
1:A:91:PRO:O	1:A:93:ARG:N	0.80	2.15	15	20
1:A:44:PHE:CE1	1:A:131:GLN:NE2	0.79	2.50	16	3
1:A:51:MET:SD	1:A:130:VAL:HG22	0.79	2.16	20	5
1:A:8:LYS:O	1:A:9:LEU:HD12	0.78	1.79	2	8
1:A:25:ASP:OD1	1:A:28:ILE:N	0.78	2.17	1	1
1:A:52:TYR:CZ	1:A:83:SER:O	0.78	2.37	18	20
1:A:55:LEU:O	1:A:60:ALA:N	0.77	2.17	9	20
1:A:15:CYS:SG	1:A:16:GLU:N	0.77	2.58	14	4
1:A:45:THR:HG22	1:A:84:HIS:CD2	0.77	2.15	6	2
1:A:44:PHE:CE2	1:A:127:ARG:NE	0.77	2.52	8	2
1:A:91:PRO:O	1:A:94:SER:N	0.76	2.18	14	20
1:A:121:LEU:HD13	1:A:122:ILE:H	0.76	1.40	7	20
1:A:6:GLY:N	1:A:20:ASN:ND2	0.76	2.34	19	3
1:A:48:LEU:HD12	1:A:48:LEU:C	0.75	2.00	8	12
1:A:9:LEU:HD23	1:A:88:LEU:CB	0.75	2.11	2	12
1:A:48:LEU:C	1:A:48:LEU:HD12	0.75	2.02	4	8
1:A:44:PHE:CZ	1:A:131:GLN:NE2	0.75	2.54	11	2
1:A:130:VAL:O	1:A:134:GLY:N	0.75	2.20	9	20
1:A:139:GLN:O	1:A:143:ARG:N	0.74	2.20	14	18
1:A:45:THR:HG22	1:A:84:HIS:CG	0.74	2.17	6	1
1:A:112:LEU:CD2	1:A:114:ILE:HD11	0.74	2.13	3	19
1:A:16:GLU:O	1:A:17:VAL:HG13	0.74	1.83	19	4
1:A:6:GLY:N	1:A:20:ASN:HD22	0.74	1.81	19	3
1:A:29:ILE:HG23	1:A:65:ILE:HD11	0.74	1.58	14	5
1:A:112:LEU:O	1:A:124:MET:O	0.73	2.06	3	18

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:ASP:O	1:A:27:ASP:N	0.73	2.21	8	20
1:A:82:GLU:O	1:A:83:SER:CB	0.73	2.36	15	18
1:A:122:ILE:HG23	1:A:123:SER:N	0.73	1.98	17	20
1:A:22:ALA:HB1	1:A:88:LEU:CD1	0.73	2.14	20	12
1:A:125:ASN:ND2	1:A:127:ARG:CD	0.73	2.51	15	1
1:A:106:ILE:C	1:A:107:THR:HG23	0.73	2.04	10	13
1:A:124:MET:O	1:A:126:GLY:N	0.73	2.21	3	16
1:A:34:SER:N	1:A:68:SER:OG	0.73	2.21	14	14
1:A:24:LYS:O	1:A:26:LYS:N	0.73	2.22	6	8
1:A:88:LEU:CD2	1:A:88:LEU:H	0.73	1.91	6	2
1:A:44:PHE:CD2	1:A:131:GLN:NE2	0.73	2.56	8	4
1:A:9:LEU:HD23	1:A:88:LEU:HB3	0.72	1.61	2	9
1:A:112:LEU:HD22	1:A:114:ILE:HD11	0.72	1.62	9	6
1:A:23:LEU:O	1:A:25:ASP:N	0.72	2.23	10	11
1:A:80:MET:CE	1:A:89:ALA:HB2	0.72	2.14	7	1
1:A:88:LEU:H	1:A:88:LEU:CD2	0.71	1.91	9	2
1:A:48:LEU:CD2	1:A:84:HIS:NE2	0.71	2.53	3	14
1:A:22:ALA:O	1:A:88:LEU:HD11	0.71	1.86	6	5
1:A:67:VAL:HG12	1:A:68:SER:N	0.71	2.00	7	3
1:A:125:ASN:O	1:A:128:GLY:N	0.71	2.24	13	3
1:A:121:LEU:HD11	1:A:124:MET:HE3	0.71	1.63	3	4
1:A:35:ALA:N	1:A:68:SER:OG	0.70	2.24	19	11
1:A:137:ALA:O	1:A:139:GLN:N	0.70	2.24	3	19
1:A:73:GLU:O	1:A:77:PHE:CD2	0.70	2.44	14	20
1:A:17:VAL:HG22	1:A:18:ASN:N	0.70	2.00	8	2
1:A:44:PHE:CD2	1:A:131:GLN:OE1	0.70	2.44	16	3
1:A:63:GLU:OE2	1:A:65:ILE:HD13	0.70	1.86	1	3
1:A:25:ASP:OD1	1:A:63:GLU:N	0.70	2.24	3	4
1:A:63:GLU:OE1	1:A:88:LEU:HD21	0.70	1.87	9	1
1:A:8:LYS:CD	1:A:8:LYS:H	0.70	1.99	15	9
1:A:127:ARG:O	1:A:131:GLN:NE2	0.70	2.24	17	1
1:A:44:PHE:O	1:A:44:PHE:CD1	0.70	2.45	13	3
1:A:44:PHE:CE1	1:A:131:GLN:OE1	0.69	2.45	14	7
1:A:70:ASP:C	1:A:72:SER:H	0.69	1.90	9	20
1:A:79:TYR:CD1	1:A:82:GLU:OE1	0.69	2.46	5	1
1:A:22:ALA:O	1:A:88:LEU:CD1	0.69	2.41	8	18
1:A:23:LEU:HD23	1:A:63:GLU:OE1	0.69	1.88	13	1
1:A:109:ILE:N	1:A:109:ILE:CD1	0.69	2.52	14	14
1:A:62:PHE:O	1:A:87:TRP:CZ2	0.69	2.46	18	9
1:A:44:PHE:CE2	1:A:131:GLN:OE1	0.69	2.46	16	7
1:A:25:ASP:OD1	1:A:26:LYS:N	0.69	2.25	7	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:86:ASP:OD1	1:A:87:TRP:CZ2	0.69	2.46	9	2
1:A:44:PHE:CD1	1:A:44:PHE:O	0.69	2.45	6	3
1:A:109:ILE:CD1	1:A:109:ILE:N	0.69	2.54	4	5
1:A:113:VAL:HG13	1:A:124:MET:HE1	0.69	1.63	15	6
1:A:81:MET:SD	1:A:81:MET:O	0.69	2.51	10	2
1:A:79:TYR:CD2	1:A:82:GLU:OE2	0.69	2.46	17	2
1:A:136:ARG:O	1:A:136:ARG:NE	0.69	2.26	16	1
1:A:86:ASP:O	1:A:87:TRP:CG	0.69	2.46	6	17
1:A:25:ASP:OD2	1:A:28:ILE:N	0.69	2.26	17	1
1:A:32:TYR:CE2	1:A:34:SER:OG	0.69	2.45	16	3
1:A:25:ASP:CG	1:A:26:LYS:N	0.69	2.45	7	3
1:A:34:SER:CA	1:A:68:SER:OG	0.68	2.41	15	7
1:A:12:LYS:CB	1:A:12:LYS:HZ3	0.68	2.01	15	1
1:A:86:ASP:OD1	1:A:87:TRP:CH2	0.68	2.46	9	2
1:A:45:THR:CG2	1:A:84:HIS:CD2	0.68	2.76	8	6
1:A:34:SER:H	1:A:68:SER:CB	0.68	2.02	14	20
1:A:62:PHE:CE2	1:A:64:ILE:CD1	0.68	2.77	18	15
1:A:44:PHE:CE2	1:A:131:GLN:CD	0.68	2.67	2	9
1:A:24:LYS:O	1:A:117:LYS:NZ	0.68	2.27	18	1
1:A:23:LEU:O	1:A:24:LYS:C	0.68	2.32	6	19
1:A:12:LYS:CB	1:A:12:LYS:NZ	0.68	2.57	15	1
1:A:99:ASN:HB3	1:A:103:LYS:HZ2	0.68	1.48	20	1
1:A:13:ASN:O	1:A:14:ARG:NH1	0.68	2.27	9	1
1:A:77:PHE:CD1	1:A:77:PHE:N	0.67	2.56	8	8
1:A:22:ALA:O	1:A:88:LEU:HD13	0.67	1.89	5	1
1:A:44:PHE:CE1	1:A:131:GLN:CD	0.67	2.67	11	5
1:A:82:GLU:CG	1:A:83:SER:N	0.67	2.56	4	1
1:A:82:GLU:O	1:A:83:SER:OG	0.67	2.11	19	13
1:A:77:PHE:N	1:A:77:PHE:CD1	0.67	2.56	4	8
1:A:52:TYR:O	1:A:56:VAL:CG2	0.67	2.42	18	20
1:A:130:VAL:HG21	1:A:141:TRP:CZ2	0.67	2.25	13	12
1:A:32:TYR:CE1	1:A:34:SER:OG	0.67	2.48	14	2
1:A:6:GLY:N	1:A:20:ASN:OD1	0.67	2.28	10	2
1:A:44:PHE:CZ	1:A:131:GLN:CD	0.67	2.68	8	9
1:A:32:TYR:CZ	1:A:34:SER:OG	0.67	2.48	8	7
1:A:8:LYS:H	1:A:8:LYS:CD	0.67	2.02	11	9
1:A:25:ASP:N	1:A:63:GLU:OE2	0.67	2.28	19	1
1:A:125:ASN:O	1:A:125:ASN:ND2	0.67	2.28	18	3
1:A:99:ASN:O	1:A:103:LYS:CG	0.67	2.43	3	2
1:A:70:ASP:C	1:A:72:SER:N	0.67	2.49	8	20
1:A:34:SER:O	1:A:35:ALA:C	0.67	2.33	4	10

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:137:ALA:O	1:A:140:ASN:N	0.66	2.28	10	19
1:A:122:ILE:HD13	1:A:141:TRP:O	0.66	1.90	9	20
1:A:49:ALA:HB1	1:A:83:SER:HB3	0.66	1.67	11	7
1:A:76:MET:O	1:A:80:MET:SD	0.66	2.53	17	3
1:A:44:PHE:CZ	1:A:131:GLN:OE1	0.66	2.48	2	6
1:A:17:VAL:CG2	1:A:18:ASN:N	0.66	2.58	16	2
1:A:8:LYS:CD	1:A:8:LYS:N	0.66	2.58	5	7
1:A:51:MET:CG	1:A:52:TYR:N	0.66	2.59	9	4
1:A:22:ALA:HB1	1:A:88:LEU:HD13	0.66	1.66	16	6
1:A:22:ALA:HB1	1:A:88:LEU:HD22	0.66	1.67	15	1
1:A:12:LYS:HB3	1:A:12:LYS:HZ3	0.66	1.51	15	1
1:A:33:PHE:O	1:A:34:SER:CB	0.66	2.44	15	17
1:A:8:LYS:N	1:A:8:LYS:CD	0.66	2.58	10	13
1:A:72:SER:CB	1:A:75:ASP:OD2	0.65	2.44	16	15
1:A:136:ARG:CD	1:A:136:ARG:O	0.65	2.45	2	1
1:A:51:MET:SD	1:A:51:MET:C	0.65	2.74	15	1
1:A:44:PHE:CD1	1:A:131:GLN:NE2	0.65	2.65	16	3
1:A:130:VAL:CG2	1:A:141:TRP:CE2	0.65	2.80	17	13
1:A:44:PHE:CE2	1:A:127:ARG:CZ	0.65	2.79	16	1
1:A:6:GLY:H	1:A:20:ASN:HD22	0.65	1.33	19	1
1:A:130:VAL:CG1	1:A:131:GLN:N	0.65	2.60	18	12
1:A:9:LEU:HD23	1:A:88:LEU:HB2	0.65	1.68	6	8
1:A:96:PRO:O	1:A:100:VAL:CG2	0.65	2.45	4	20
1:A:125:ASN:ND2	1:A:127:ARG:CG	0.65	2.59	18	2
1:A:129:GLU:OE2	1:A:140:ASN:ND2	0.65	2.30	5	1
1:A:73:GLU:N	1:A:73:GLU:OE1	0.65	2.30	17	1
1:A:52:TYR:C	1:A:52:TYR:CD1	0.64	2.70	11	11
1:A:136:ARG:O	1:A:136:ARG:CD	0.64	2.44	16	1
1:A:128:GLY:O	1:A:132:SER:CB	0.64	2.44	2	16
1:A:44:PHE:CD1	1:A:131:GLN:OE1	0.64	2.50	18	4
1:A:62:PHE:CE2	1:A:64:ILE:HD12	0.64	2.28	6	8
1:A:121:LEU:HD21	1:A:124:MET:CE	0.64	2.22	8	13
1:A:33:PHE:O	1:A:34:SER:OG	0.64	2.14	20	9
1:A:5:GLN:N	1:A:5:GLN:HE21	0.64	1.90	10	1
1:A:133:LEU:CD1	1:A:137:ALA:HB2	0.64	2.22	2	1
1:A:112:LEU:HD23	1:A:113:VAL:N	0.64	2.07	15	1
1:A:129:GLU:CD	1:A:140:ASN:ND2	0.64	2.51	5	1
1:A:81:MET:C	1:A:81:MET:SD	0.64	2.75	10	1
1:A:79:TYR:CG	1:A:82:GLU:OE2	0.64	2.50	17	2
1:A:62:PHE:CZ	1:A:64:ILE:CD1	0.64	2.81	20	16
1:A:130:VAL:CG2	1:A:141:TRP:CZ2	0.64	2.80	15	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:ASP:OD1	1:A:117:LYS:CD	0.64	2.46	8	2
1:A:25:ASP:OD1	1:A:63:GLU:CB	0.64	2.45	12	3
1:A:13:ASN:O	1:A:13:ASN:ND2	0.64	2.30	17	1
1:A:51:MET:C	1:A:51:MET:SD	0.64	2.77	6	2
1:A:118:ASP:OD1	1:A:118:ASP:N	0.64	2.31	18	1
1:A:56:VAL:HG22	1:A:87:TRP:CZ2	0.64	2.28	6	8
1:A:139:GLN:OE1	1:A:140:ASN:ND2	0.64	2.31	12	1
1:A:139:GLN:O	1:A:143:ARG:CA	0.63	2.46	2	14
1:A:86:ASP:N	1:A:87:TRP:CE3	0.63	2.66	11	14
1:A:24:LYS:CG	1:A:25:ASP:N	0.63	2.61	18	6
1:A:94:SER:O	1:A:95:GLY:C	0.63	2.36	7	20
1:A:99:ASN:O	1:A:103:LYS:CB	0.63	2.46	5	20
1:A:90:ILE:HG22	1:A:94:SER:OG	0.63	1.92	3	3
1:A:106:ILE:HD11	1:A:113:VAL:CG2	0.63	2.23	8	2
1:A:68:SER:O	1:A:70:ASP:CG	0.63	2.37	11	9
1:A:87:TRP:O	1:A:88:LEU:HD23	0.63	1.93	20	1
1:A:67:VAL:O	1:A:70:ASP:OD1	0.63	2.17	8	4
1:A:18:ASN:O	1:A:20:ASN:N	0.63	2.32	19	13
1:A:128:GLY:O	1:A:132:SER:N	0.62	2.32	4	16
1:A:81:MET:SD	1:A:81:MET:C	0.62	2.77	19	1
1:A:67:VAL:O	1:A:70:ASP:OD2	0.62	2.17	11	16
1:A:25:ASP:C	1:A:27:ASP:N	0.62	2.53	20	20
1:A:59:SER:O	1:A:60:ALA:C	0.62	2.37	2	20
1:A:55:LEU:HD22	1:A:61:PRO:HD2	0.62	1.70	3	20
1:A:25:ASP:OD1	1:A:25:ASP:N	0.62	2.28	18	1
1:A:45:THR:HG23	1:A:84:HIS:CD2	0.62	2.29	14	17
1:A:24:LYS:O	1:A:25:ASP:OD1	0.62	2.17	19	5
1:A:44:PHE:CD1	1:A:131:GLN:CD	0.62	2.72	11	2
1:A:59:SER:O	1:A:60:ALA:O	0.62	2.17	12	4
1:A:67:VAL:O	1:A:68:SER:CB	0.62	2.46	17	7
1:A:23:LEU:O	1:A:25:ASP:OD2	0.62	2.18	9	13
1:A:140:ASN:N	1:A:140:ASN:HD22	0.62	1.92	6	1
1:A:106:ILE:C	1:A:107:THR:CG2	0.62	2.68	9	15
1:A:9:LEU:CG	1:A:19:ALA:HB2	0.62	2.25	7	3
1:A:69:SER:OG	1:A:69:SER:O	0.61	2.17	4	1
1:A:86:ASP:O	1:A:87:TRP:CD2	0.61	2.53	18	11
1:A:90:ILE:HG22	1:A:94:SER:CB	0.61	2.25	10	19
1:A:31:PHE:CE2	1:A:65:ILE:HG21	0.61	2.30	8	3
1:A:82:GLU:O	1:A:82:GLU:CD	0.61	2.39	7	1
1:A:127:ARG:CG	1:A:131:GLN:OE1	0.61	2.48	13	1
1:A:139:GLN:CG	1:A:140:ASN:N	0.61	2.63	18	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:48:LEU:CD1	1:A:48:LEU:C	0.61	2.69	2	10
1:A:25:ASP:O	1:A:25:ASP:OD1	0.61	2.19	5	6
1:A:29:ILE:HG23	1:A:63:GLU:OE1	0.61	1.96	7	1
1:A:27:ASP:N	1:A:27:ASP:OD1	0.61	2.33	14	2
1:A:44:PHE:C	1:A:44:PHE:CD1	0.61	2.73	11	5
1:A:86:ASP:CG	1:A:86:ASP:O	0.61	2.39	2	2
1:A:65:ILE:N	1:A:65:ILE:HD13	0.61	2.10	16	2
1:A:73:GLU:O	1:A:77:PHE:CE2	0.61	2.53	4	18
1:A:129:GLU:OE1	1:A:140:ASN:ND2	0.61	2.34	5	2
1:A:68:SER:O	1:A:70:ASP:OD1	0.61	2.19	8	13
1:A:23:LEU:HD23	1:A:63:GLU:OE2	0.61	1.96	14	2
1:A:92:TYR:CD1	1:A:92:TYR:N	0.60	2.69	14	11
1:A:25:ASP:OD1	1:A:25:ASP:O	0.60	2.19	8	2
1:A:99:ASN:O	1:A:103:LYS:N	0.60	2.34	15	20
1:A:48:LEU:C	1:A:48:LEU:CD1	0.60	2.69	11	10
1:A:122:ILE:CG2	1:A:123:SER:H	0.60	2.08	7	18
1:A:52:TYR:CD1	1:A:52:TYR:C	0.60	2.75	18	8
1:A:25:ASP:OD1	1:A:28:ILE:O	0.60	2.19	20	4
1:A:33:PHE:CD1	1:A:33:PHE:N	0.60	2.68	19	2
1:A:73:GLU:CD	1:A:73:GLU:H	0.60	1.98	16	3
1:A:66:PHE:CD1	1:A:80:MET:SD	0.60	2.95	13	1
1:A:106:ILE:O	1:A:107:THR:HG22	0.60	1.96	9	7
1:A:27:ASP:O	1:A:27:ASP:CG	0.60	2.39	8	4
1:A:117:LYS:CD	1:A:117:LYS:C	0.60	2.70	2	1
1:A:140:ASN:OD1	1:A:140:ASN:N	0.60	2.33	7	2
1:A:5:GLN:NE2	1:A:5:GLN:O	0.60	2.35	10	1
1:A:127:ARG:HH11	1:A:131:GLN:NE2	0.60	1.93	13	1
1:A:76:MET:O	1:A:80:MET:CG	0.60	2.50	17	4
1:A:106:ILE:C	1:A:107:THR:HG22	0.60	2.17	6	7
1:A:122:ILE:HD11	1:A:143:ARG:N	0.60	2.12	19	19
1:A:127:ARG:NH1	1:A:131:GLN:OE1	0.60	2.35	13	1
1:A:49:ALA:O	1:A:52:TYR:CD1	0.60	2.55	10	20
1:A:5:GLN:OE1	1:A:5:GLN:N	0.60	2.34	16	1
1:A:128:GLY:O	1:A:132:SER:OG	0.59	2.19	3	11
1:A:129:GLU:O	1:A:133:LEU:CD1	0.59	2.50	2	1
1:A:92:TYR:N	1:A:92:TYR:CD1	0.59	2.71	19	8
1:A:51:MET:HG3	1:A:52:TYR:N	0.59	2.11	13	4
1:A:33:PHE:N	1:A:33:PHE:CD1	0.59	2.69	1	2
1:A:127:ARG:HE	1:A:131:GLN:NE2	0.59	1.96	9	1
1:A:88:LEU:N	1:A:88:LEU:CD2	0.59	2.53	9	3
1:A:26:LYS:O	1:A:27:ASP:CB	0.59	2.50	12	12

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:44:PHE:CE1	1:A:131:GLN:CG	0.59	2.85	11	2
1:A:113:VAL:HG13	1:A:124:MET:HE2	0.59	1.74	6	8
1:A:30:GLY:O	1:A:65:ILE:CG1	0.59	2.50	7	7
1:A:109:ILE:HG22	1:A:110:PRO:HA	0.59	1.73	8	3
1:A:23:LEU:O	1:A:24:LYS:O	0.59	2.21	18	5
1:A:131:GLN:HE21	1:A:131:GLN:H	0.59	1.39	17	1
1:A:91:PRO:C	1:A:93:ARG:N	0.59	2.56	8	20
1:A:24:LYS:O	1:A:25:ASP:OD2	0.59	2.20	6	3
1:A:52:TYR:CE2	1:A:86:ASP:OD2	0.59	2.56	6	1
1:A:124:MET:HA	1:A:124:MET:HE3	0.59	1.74	14	3
1:A:23:LEU:O	1:A:25:ASP:OD1	0.59	2.20	19	4
1:A:137:ALA:C	1:A:139:GLN:N	0.58	2.56	3	19
1:A:94:SER:O	1:A:96:PRO:N	0.58	2.36	20	20
1:A:60:ALA:O	1:A:62:PHE:N	0.58	2.34	19	16
1:A:19:ALA:HA	1:A:22:ALA:HB3	0.58	1.75	16	8
1:A:94:SER:OG	1:A:94:SER:O	0.58	2.19	7	1
1:A:25:ASP:C	1:A:27:ASP:H	0.58	2.02	6	19
1:A:95:GLY:O	1:A:97:ALA:N	0.58	2.37	4	20
1:A:71:ARG:CG	1:A:71:ARG:O	0.58	2.52	4	1
1:A:48:LEU:CD2	1:A:84:HIS:CE1	0.58	2.87	10	14
1:A:32:TYR:O	1:A:32:TYR:CD1	0.58	2.57	19	1
1:A:55:LEU:HD11	1:A:138:PHE:HB2	0.58	1.73	9	1
1:A:25:ASP:CG	1:A:26:LYS:H	0.58	2.02	6	2
1:A:25:ASP:CG	1:A:25:ASP:O	0.58	2.42	9	2
1:A:51:MET:SD	1:A:130:VAL:CG2	0.58	2.90	20	2
1:A:68:SER:O	1:A:70:ASP:OD2	0.58	2.21	17	6
1:A:72:SER:CB	1:A:75:ASP:OD1	0.58	2.52	18	1
1:A:7:ILE:HG21	1:A:96:PRO:HG2	0.58	1.76	18	13
1:A:63:GLU:CG	1:A:87:TRP:CG	0.58	2.87	14	5
1:A:86:ASP:OD1	1:A:86:ASP:N	0.58	2.37	19	1
1:A:129:GLU:N	1:A:129:GLU:OE1	0.58	2.37	1	1
1:A:72:SER:OG	1:A:75:ASP:OD2	0.58	2.20	12	6
1:A:29:ILE:HG21	1:A:31:PHE:CE2	0.58	2.33	15	2
1:A:62:PHE:O	1:A:62:PHE:CD1	0.57	2.57	7	8
1:A:49:ALA:HB1	1:A:83:SER:HB2	0.57	1.75	18	4
1:A:29:ILE:CG2	1:A:31:PHE:CE1	0.57	2.88	12	8
1:A:24:LYS:O	1:A:25:ASP:C	0.57	2.42	19	1
1:A:95:GLY:O	1:A:98:SER:N	0.57	2.38	15	20
1:A:62:PHE:CE2	1:A:64:ILE:HD11	0.57	2.34	14	8
1:A:127:ARG:O	1:A:131:GLN:OE1	0.57	2.21	12	1
1:A:80:MET:SD	1:A:89:ALA:HB2	0.57	2.40	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:84:HIS:O	1:A:85:GLY:O	0.57	2.22	19	11
1:A:133:LEU:HD12	1:A:140:ASN:HD21	0.57	1.60	5	1
1:A:63:GLU:O	1:A:63:GLU:OE1	0.57	2.22	11	2
1:A:26:LYS:O	1:A:27:ASP:OD1	0.57	2.23	3	2
1:A:9:LEU:HG	1:A:19:ALA:HB2	0.57	1.76	7	3
1:A:129:GLU:O	1:A:137:ALA:HB2	0.57	1.99	13	2
1:A:121:LEU:CD2	1:A:124:MET:SD	0.57	2.90	7	3
1:A:121:LEU:CD1	1:A:124:MET:SD	0.57	2.90	7	3
1:A:35:ALA:CB	1:A:69:SER:OG	0.57	2.53	14	1
1:A:45:THR:N	1:A:46:PRO:CD	0.56	2.68	18	4
1:A:68:SER:OG	1:A:70:ASP:OD1	0.56	2.21	1	2
1:A:82:GLU:O	1:A:82:GLU:OE2	0.56	2.23	7	1
1:A:49:ALA:HB2	1:A:84:HIS:CD2	0.56	2.35	6	6
1:A:32:TYR:OH	1:A:34:SER:O	0.56	2.22	14	3
1:A:88:LEU:N	1:A:88:LEU:HD13	0.56	2.15	6	2
1:A:140:ASN:ND2	1:A:140:ASN:N	0.56	2.52	6	1
1:A:130:VAL:HG12	1:A:131:GLN:N	0.56	2.15	7	13
1:A:130:VAL:O	1:A:134:GLY:CA	0.56	2.53	10	7
1:A:122:ILE:CG2	1:A:123:SER:N	0.56	2.69	7	15
1:A:47:ILE:HD12	1:A:131:GLN:NE2	0.56	2.16	16	4
1:A:72:SER:O	1:A:75:ASP:OD1	0.56	2.22	18	1
1:A:26:LYS:O	1:A:27:ASP:CG	0.56	2.44	12	8
1:A:91:PRO:O	1:A:94:SER:OG	0.56	2.22	12	4
1:A:23:LEU:O	1:A:25:ASP:CG	0.56	2.43	18	2
1:A:125:ASN:O	1:A:127:ARG:N	0.56	2.38	15	3
1:A:56:VAL:O	1:A:59:SER:N	0.56	2.38	9	11
1:A:35:ALA:N	1:A:68:SER:CB	0.56	2.68	5	7
1:A:34:SER:OG	1:A:34:SER:O	0.56	2.23	19	2
1:A:67:VAL:CG1	1:A:68:SER:H	0.56	2.05	7	2
1:A:138:PHE:O	1:A:142:ALA:CB	0.56	2.54	16	12
1:A:86:ASP:C	1:A:87:TRP:CD2	0.56	2.79	18	12
1:A:24:LYS:O	1:A:25:ASP:CG	0.56	2.44	11	12
1:A:131:GLN:NE2	1:A:131:GLN:H	0.56	1.98	17	1
1:A:73:GLU:CA	1:A:73:GLU:OE1	0.56	2.53	17	1
1:A:48:LEU:O	1:A:48:LEU:CD1	0.56	2.45	6	1
1:A:31:PHE:O	1:A:112:LEU:HD23	0.56	2.00	9	1
1:A:35:ALA:HB1	1:A:69:SER:O	0.56	2.01	20	7
1:A:44:PHE:CZ	1:A:127:ARG:NE	0.56	2.74	16	1
1:A:56:VAL:HG21	1:A:86:ASP:OD2	0.55	2.01	9	1
1:A:29:ILE:CG2	1:A:30:GLY:N	0.55	2.70	4	5
1:A:9:LEU:HD11	1:A:90:ILE:HG23	0.55	1.76	9	12

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:45:THR:O	1:A:47:ILE:N	0.55	2.40	11	9
1:A:118:ASP:N	1:A:118:ASP:OD1	0.55	2.40	2	1
1:A:62:PHE:C	1:A:63:GLU:OE1	0.55	2.45	19	1
1:A:126:GLY:O	1:A:130:VAL:HB	0.55	2.02	9	3
1:A:73:GLU:OE2	1:A:74:ASP:OD2	0.55	2.25	16	1
1:A:106:ILE:HD11	1:A:113:VAL:HG21	0.55	1.79	16	14
1:A:142:ALA:O	1:A:143:ARG:C	0.55	2.45	3	13
1:A:74:ASP:O	1:A:78:GLN:CB	0.55	2.54	17	4
1:A:72:SER:OG	1:A:75:ASP:CG	0.55	2.45	9	1
1:A:45:THR:N	1:A:46:PRO:HD2	0.55	2.16	6	20
1:A:86:ASP:C	1:A:87:TRP:CG	0.55	2.80	6	14
1:A:73:GLU:O	1:A:77:PHE:CG	0.55	2.60	14	7
1:A:26:LYS:O	1:A:27:ASP:OD2	0.55	2.24	12	1
1:A:16:GLU:O	1:A:17:VAL:CG1	0.55	2.54	19	3
1:A:75:ASP:OD1	1:A:75:ASP:C	0.55	2.45	20	1
1:A:49:ALA:HB1	1:A:83:SER:HG	0.55	1.59	7	1
1:A:127:ARG:O	1:A:127:ARG:CG	0.55	2.54	9	1
1:A:29:ILE:HG21	1:A:31:PHE:CE1	0.55	2.37	12	5
1:A:48:LEU:CD1	1:A:48:LEU:O	0.55	2.47	9	3
1:A:98:SER:OG	1:A:99:ASN:N	0.55	2.40	18	3
1:A:32:TYR:OH	1:A:34:SER:OG	0.55	2.22	5	1
1:A:25:ASP:CG	1:A:29:ILE:CD1	0.55	2.75	7	3
1:A:25:ASP:OD1	1:A:27:ASP:N	0.55	2.36	1	1
1:A:113:VAL:HG12	1:A:113:VAL:O	0.54	2.02	12	2
1:A:24:LYS:C	1:A:25:ASP:OD1	0.54	2.45	11	2
1:A:88:LEU:HD13	1:A:88:LEU:N	0.54	2.18	9	2
1:A:25:ASP:OD2	1:A:29:ILE:HD12	0.54	2.02	1	1
1:A:113:VAL:HG22	1:A:124:MET:HE2	0.54	1.80	17	7
1:A:9:LEU:N	1:A:17:VAL:O	0.54	2.40	19	5
1:A:25:ASP:OD2	1:A:28:ILE:C	0.54	2.45	17	1
1:A:25:ASP:OD1	1:A:117:LYS:CG	0.54	2.55	6	1
1:A:69:SER:O	1:A:69:SER:OG	0.54	2.24	14	2
1:A:112:LEU:HD21	1:A:114:ILE:HD11	0.54	1.80	16	13
1:A:8:LYS:C	1:A:9:LEU:HD23	0.54	2.23	20	3
1:A:7:ILE:HD13	1:A:94:SER:OG	0.54	2.02	5	1
1:A:66:PHE:CE1	1:A:80:MET:CG	0.54	2.90	5	2
1:A:124:MET:C	1:A:126:GLY:H	0.54	2.06	7	9
1:A:29:ILE:CG2	1:A:31:PHE:CE2	0.54	2.90	15	3
1:A:94:SER:O	1:A:94:SER:OG	0.54	2.22	19	3
1:A:55:LEU:HD22	1:A:61:PRO:CD	0.54	2.33	3	4
1:A:59:SER:O	1:A:59:SER:OG	0.54	2.26	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:123:SER:OG	1:A:129:GLU:OE1	0.54	2.22	15	1
1:A:54:GLU:C	1:A:54:GLU:CD	0.54	2.66	12	6
1:A:25:ASP:CG	1:A:29:ILE:HD11	0.54	2.23	7	3
1:A:142:ALA:O	1:A:143:ARG:O	0.54	2.26	20	2
1:A:11:LYS:O	1:A:14:ARG:N	0.53	2.42	10	17
1:A:78:GLN:O	1:A:82:GLU:CG	0.53	2.56	1	1
1:A:54:GLU:OE2	1:A:135:PRO:CB	0.53	2.57	2	3
1:A:49:ALA:HB1	1:A:83:SER:CB	0.53	2.33	11	3
1:A:4:ILE:C	1:A:5:GLN:HE21	0.53	2.06	10	1
1:A:106:ILE:CD1	1:A:113:VAL:HG21	0.53	2.33	6	10
1:A:22:ALA:HB1	1:A:88:LEU:CD2	0.53	2.33	15	9
1:A:126:GLY:O	1:A:130:VAL:CG2	0.53	2.56	9	2
1:A:121:LEU:CD1	1:A:122:ILE:N	0.53	2.67	1	18
1:A:55:LEU:O	1:A:60:ALA:CA	0.53	2.57	9	18
1:A:91:PRO:O	1:A:92:TYR:C	0.53	2.47	1	20
1:A:34:SER:N	1:A:68:SER:CB	0.53	2.71	8	2
1:A:116:LYS:O	1:A:119:GLY:N	0.53	2.41	15	12
1:A:27:ASP:OD2	1:A:61:PRO:O	0.53	2.26	20	2
1:A:129:GLU:CD	1:A:140:ASN:OD1	0.53	2.47	13	1
1:A:112:LEU:HD22	1:A:114:ILE:CD1	0.53	2.34	9	3
1:A:59:SER:OG	1:A:59:SER:O	0.53	2.26	14	1
1:A:63:GLU:OE1	1:A:63:GLU:C	0.53	2.46	1	1
1:A:130:VAL:HG23	1:A:141:TRP:CE2	0.53	2.38	17	10
1:A:8:LYS:O	1:A:9:LEU:CD1	0.53	2.57	6	7
1:A:4:ILE:O	1:A:7:ILE:HG23	0.53	2.04	12	3
1:A:5:GLN:N	1:A:5:GLN:NE2	0.53	2.56	10	1
1:A:127:ARG:HH11	1:A:131:GLN:CD	0.53	2.07	13	1
1:A:28:ILE:C	1:A:29:ILE:HD13	0.53	2.23	7	1
1:A:25:ASP:OD2	1:A:29:ILE:HD11	0.53	2.03	5	2
1:A:35:ALA:CA	1:A:68:SER:OG	0.53	2.57	1	2
1:A:23:LEU:HD21	1:A:65:ILE:HD11	0.53	1.80	17	1
1:A:127:ARG:O	1:A:127:ARG:CD	0.53	2.57	13	1
1:A:19:ALA:HB1	1:A:23:LEU:HD13	0.52	1.81	11	3
1:A:55:LEU:HD21	1:A:138:PHE:CG	0.52	2.39	13	1
1:A:62:PHE:CD1	1:A:62:PHE:C	0.52	2.81	7	5
1:A:77:PHE:O	1:A:81:MET:CG	0.52	2.57	18	1
1:A:22:ALA:HB1	1:A:88:LEU:HD11	0.52	1.81	20	1
1:A:112:LEU:CD2	1:A:114:ILE:CD1	0.52	2.87	20	16
1:A:113:VAL:O	1:A:113:VAL:HG12	0.52	2.03	8	1
1:A:67:VAL:O	1:A:70:ASP:CG	0.52	2.48	6	7
1:A:118:ASP:O	1:A:118:ASP:OD1	0.52	2.26	19	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:SER:C	1:A:68:SER:OG	0.52	2.48	15	1
1:A:26:LYS:C	1:A:27:ASP:CG	0.52	2.68	9	5
1:A:25:ASP:OD2	1:A:28:ILE:O	0.52	2.27	17	1
1:A:78:GLN:C	1:A:78:GLN:CD	0.52	2.68	4	1
1:A:66:PHE:CE1	1:A:70:ASP:OD2	0.52	2.63	16	1
1:A:25:ASP:C	1:A:25:ASP:OD1	0.52	2.48	1	1
1:A:51:MET:SD	1:A:130:VAL:HG21	0.52	2.44	3	1
1:A:26:LYS:H	1:A:117:LYS:NZ	0.52	2.03	18	1
1:A:49:ALA:O	1:A:53:SER:CB	0.52	2.58	2	11
1:A:69:SER:OG	1:A:71:ARG:NH1	0.52	2.43	7	1
1:A:27:ASP:O	1:A:27:ASP:OD1	0.52	2.28	8	1
1:A:62:PHE:CD1	1:A:62:PHE:O	0.51	2.63	19	4
1:A:126:GLY:O	1:A:129:GLU:CB	0.51	2.59	19	7
1:A:62:PHE:C	1:A:62:PHE:CD1	0.51	2.83	20	5
1:A:45:THR:HG21	1:A:82:GLU:OE2	0.51	2.04	5	1
1:A:11:LYS:O	1:A:13:ASN:N	0.51	2.42	16	3
1:A:33:PHE:CE2	1:A:101:THR:HG23	0.51	2.40	6	2
1:A:86:ASP:O	1:A:87:TRP:CD1	0.51	2.63	6	3
1:A:25:ASP:CB	1:A:29:ILE:CD1	0.51	2.89	7	1
1:A:73:GLU:CD	1:A:73:GLU:N	0.51	2.64	16	1
1:A:125:ASN:ND2	1:A:125:ASN:O	0.51	2.44	13	1
1:A:127:ARG:HH11	1:A:131:GLN:HE22	0.51	1.48	13	1
1:A:127:ARG:HE	1:A:131:GLN:CD	0.51	2.08	9	1
1:A:44:PHE:CD1	1:A:44:PHE:C	0.51	2.84	2	4
1:A:122:ILE:CD1	1:A:141:TRP:O	0.51	2.59	6	5
1:A:129:GLU:CD	1:A:140:ASN:CG	0.51	2.69	13	1
1:A:56:VAL:N	1:A:60:ALA:HB2	0.51	2.21	13	20
1:A:45:THR:CG2	1:A:84:HIS:NE2	0.51	2.74	11	5
1:A:29:ILE:CG2	1:A:65:ILE:HD11	0.51	2.35	14	2
1:A:11:LYS:HZ2	1:A:11:LYS:HB3	0.51	1.65	6	1
1:A:130:VAL:HB	1:A:141:TRP:CZ2	0.51	2.40	18	10
1:A:17:VAL:CG2	1:A:18:ASN:H	0.51	2.18	8	2
1:A:12:LYS:C	1:A:14:ARG:H	0.50	2.09	5	16
1:A:90:ILE:CG2	1:A:94:SER:OG	0.50	2.59	7	1
1:A:25:ASP:O	1:A:26:LYS:C	0.50	2.49	12	14
1:A:24:LYS:O	1:A:25:ASP:O	0.50	2.29	19	4
1:A:18:ASN:C	1:A:20:ASN:N	0.50	2.64	19	13
1:A:78:GLN:O	1:A:78:GLN:NE2	0.50	2.44	4	1
1:A:63:GLU:OE2	1:A:88:LEU:HD12	0.50	2.06	13	1
1:A:33:PHE:O	1:A:109:ILE:HG22	0.50	2.05	8	11
1:A:5:GLN:O	1:A:5:GLN:CG	0.50	2.58	18	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:127:ARG:NH1	1:A:131:GLN:HE22	0.50	2.04	13	1
1:A:125:ASN:HD21	1:A:127:ARG:CD	0.50	2.19	15	2
1:A:17:VAL:HG21	1:A:88:LEU:CD2	0.50	2.37	3	1
1:A:74:ASP:O	1:A:78:GLN:CG	0.50	2.60	1	1
1:A:7:ILE:O	1:A:18:ASN:OD1	0.50	2.30	6	1
1:A:51:MET:HG2	1:A:52:TYR:N	0.50	2.22	9	1
1:A:14:ARG:CG	1:A:77:PHE:CD2	0.50	2.95	9	1
1:A:129:GLU:O	1:A:133:LEU:HD11	0.50	2.04	2	1
1:A:24:LYS:NZ	1:A:24:LYS:CB	0.50	2.75	7	1
1:A:13:ASN:O	1:A:13:ASN:CG	0.50	2.50	7	2
1:A:50:ASP:O	1:A:54:GLU:CG	0.50	2.60	15	7
1:A:125:ASN:C	1:A:125:ASN:HD22	0.50	2.10	19	1
1:A:63:GLU:HG3	1:A:87:TRP:CG	0.50	2.41	14	8
1:A:63:GLU:C	1:A:63:GLU:OE1	0.50	2.51	11	2
1:A:72:SER:O	1:A:76:MET:CB	0.50	2.60	7	4
1:A:34:SER:H	1:A:68:SER:HB3	0.50	1.67	1	2
1:A:124:MET:HA	1:A:124:MET:HE2	0.50	1.83	19	1
1:A:45:THR:CG2	1:A:84:HIS:CG	0.50	2.95	6	1
1:A:25:ASP:OD2	1:A:29:ILE:CD1	0.50	2.60	1	1
1:A:125:ASN:HD22	1:A:125:ASN:C	0.49	2.08	18	2
1:A:66:PHE:CE2	1:A:70:ASP:OD2	0.49	2.65	2	3
1:A:138:PHE:CD1	1:A:138:PHE:O	0.49	2.64	9	2
1:A:123:SER:CB	1:A:129:GLU:OE1	0.49	2.61	15	1
1:A:138:PHE:CD1	1:A:138:PHE:C	0.49	2.86	5	2
1:A:129:GLU:OE2	1:A:140:ASN:CG	0.49	2.50	5	1
1:A:26:LYS:C	1:A:27:ASP:OD1	0.49	2.50	14	2
1:A:129:GLU:OE1	1:A:140:ASN:CG	0.49	2.50	10	1
1:A:106:ILE:O	1:A:107:THR:HG23	0.49	2.06	17	13
1:A:8:LYS:HD2	1:A:8:LYS:H	0.49	1.68	15	5
1:A:106:ILE:O	1:A:107:THR:OG1	0.49	2.27	17	2
1:A:142:ALA:O	1:A:143:ARG:OXT	0.49	2.30	17	2
1:A:34:SER:H	1:A:68:SER:HB2	0.49	1.68	15	5
1:A:82:GLU:HG2	1:A:83:SER:N	0.49	2.23	4	1
1:A:44:PHE:CE2	1:A:131:GLN:CG	0.49	2.95	17	1
1:A:5:GLN:NE2	1:A:23:LEU:HD12	0.49	2.22	13	1
1:A:63:GLU:OE1	1:A:63:GLU:O	0.49	2.31	1	1
1:A:31:PHE:HB3	1:A:33:PHE:CZ	0.49	2.41	16	16
1:A:4:ILE:O	1:A:5:GLN:C	0.49	2.50	5	19
1:A:129:GLU:CD	1:A:140:ASN:HD22	0.49	2.10	5	1
1:A:136:ARG:O	1:A:136:ARG:CG	0.49	2.60	19	2
1:A:88:LEU:CD2	1:A:88:LEU:N	0.49	2.54	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:125:ASN:C	1:A:127:ARG:N	0.49	2.66	15	4
1:A:51:MET:SD	1:A:130:VAL:HG13	0.49	2.48	19	4
1:A:23:LEU:HD12	1:A:63:GLU:OE2	0.49	2.08	17	1
1:A:110:PRO:O	1:A:127:ARG:NH2	0.49	2.46	15	1
1:A:14:ARG:NH2	1:A:74:ASP:OD1	0.49	2.45	15	1
1:A:133:LEU:HD22	1:A:136:ARG:HG2	0.49	1.83	16	1
1:A:62:PHE:CZ	1:A:64:ILE:HD12	0.49	2.43	6	1
1:A:72:SER:OG	1:A:75:ASP:CB	0.49	2.60	9	1
1:A:121:LEU:HD21	1:A:124:MET:HE1	0.49	1.85	9	1
1:A:130:VAL:O	1:A:134:GLY:HA2	0.48	2.07	13	3
1:A:19:ALA:HB1	1:A:23:LEU:HD23	0.48	1.85	16	1
1:A:63:GLU:HG2	1:A:87:TRP:CG	0.48	2.43	14	5
1:A:33:PHE:C	1:A:34:SER:OG	0.48	2.51	14	6
1:A:54:GLU:CD	1:A:135:PRO:CB	0.48	2.81	1	5
1:A:90:ILE:HG22	1:A:94:SER:HB2	0.48	1.86	1	3
1:A:126:GLY:O	1:A:130:VAL:CB	0.48	2.61	9	2
1:A:11:LYS:C	1:A:13:ASN:N	0.48	2.66	16	3
1:A:86:ASP:N	1:A:86:ASP:OD1	0.48	2.46	9	1
1:A:72:SER:OG	1:A:75:ASP:N	0.48	2.42	9	1
1:A:70:ASP:N	1:A:70:ASP:OD1	0.48	2.45	19	4
1:A:5:GLN:OE1	1:A:20:ASN:OD1	0.48	2.32	7	1
1:A:87:TRP:C	1:A:88:LEU:HD23	0.48	2.29	20	1
1:A:79:TYR:CE2	1:A:82:GLU:OE2	0.48	2.67	17	2
1:A:49:ALA:O	1:A:52:TYR:CE1	0.48	2.66	10	18
1:A:94:SER:O	1:A:97:ALA:N	0.48	2.39	4	16
1:A:71:ARG:O	1:A:73:GLU:OE1	0.48	2.31	12	1
1:A:124:MET:C	1:A:126:GLY:N	0.48	2.67	7	14
1:A:24:LYS:C	1:A:25:ASP:CG	0.48	2.73	14	6
1:A:110:PRO:O	1:A:127:ARG:CZ	0.48	2.61	5	1
1:A:63:GLU:OE2	1:A:65:ILE:CD1	0.48	2.62	11	2
1:A:65:ILE:HD13	1:A:65:ILE:N	0.48	2.24	12	2
1:A:82:GLU:O	1:A:83:SER:HB3	0.48	2.09	1	3
1:A:4:ILE:O	1:A:7:ILE:CG1	0.48	2.62	7	1
1:A:44:PHE:O	1:A:131:GLN:OE1	0.48	2.31	18	1
1:A:94:SER:C	1:A:96:PRO:HD2	0.48	2.30	3	20
1:A:22:ALA:C	1:A:24:LYS:H	0.48	2.11	17	7
1:A:130:VAL:CG2	1:A:141:TRP:CD2	0.48	2.97	17	1
1:A:127:ARG:CG	1:A:127:ARG:O	0.48	2.61	10	2
1:A:125:ASN:O	1:A:129:GLU:OE1	0.48	2.32	9	1
1:A:35:ALA:CB	1:A:69:SER:O	0.48	2.62	19	7
1:A:9:LEU:CD2	1:A:89:ALA:O	0.48	2.62	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:35:ALA:HB2	1:A:69:SER:N	0.47	2.23	1	4
1:A:25:ASP:OD2	1:A:29:ILE:CG1	0.47	2.62	18	1
1:A:76:MET:SD	1:A:77:PHE:CE1	0.47	3.07	19	2
1:A:63:GLU:CG	1:A:87:TRP:CB	0.47	2.93	3	4
1:A:90:ILE:HG22	1:A:94:SER:HB3	0.47	1.85	11	7
1:A:118:ASP:OD1	1:A:120:THR:OG1	0.47	2.32	18	1
1:A:112:LEU:HD22	1:A:141:TRP:CH2	0.47	2.45	11	1
1:A:137:ALA:C	1:A:139:GLN:H	0.47	2.12	3	8
1:A:82:GLU:O	1:A:83:SER:HB2	0.47	2.07	7	7
1:A:62:PHE:CZ	1:A:64:ILE:HD13	0.47	2.44	18	5
1:A:30:GLY:N	1:A:63:GLU:O	0.47	2.48	4	4
1:A:44:PHE:CG	1:A:44:PHE:O	0.47	2.68	9	2
1:A:56:VAL:CA	1:A:60:ALA:HB2	0.47	2.40	18	20
1:A:73:GLU:OE1	1:A:73:GLU:N	0.47	2.48	12	1
1:A:9:LEU:CD2	1:A:19:ALA:HB2	0.47	2.39	7	3
1:A:45:THR:OG1	1:A:79:TYR:OH	0.47	2.21	17	2
1:A:91:PRO:C	1:A:93:ARG:H	0.47	2.13	15	18
1:A:66:PHE:CE1	1:A:80:MET:HG3	0.47	2.45	5	1
1:A:6:GLY:CA	1:A:20:ASN:ND2	0.47	2.77	3	1
1:A:35:ALA:H	1:A:68:SER:CB	0.47	2.23	4	1
1:A:122:ILE:HD13	1:A:141:TRP:C	0.47	2.30	14	1
1:A:137:ALA:O	1:A:138:PHE:C	0.47	2.53	16	19
1:A:56:VAL:HA	1:A:60:ALA:HB2	0.47	1.87	6	19
1:A:136:ARG:CG	1:A:136:ARG:O	0.47	2.62	12	1
1:A:71:ARG:CD	1:A:71:ARG:C	0.47	2.83	3	1
1:A:63:GLU:CA	1:A:63:GLU:OE1	0.47	2.62	19	1
1:A:23:LEU:HD11	1:A:65:ILE:HD13	0.47	1.87	17	1
1:A:125:ASN:HD22	1:A:127:ARG:CG	0.46	2.23	18	1
1:A:8:LYS:N	1:A:8:LYS:HD3	0.46	2.26	7	2
1:A:29:ILE:CG2	1:A:63:GLU:OE1	0.46	2.63	7	1
1:A:4:ILE:O	1:A:7:ILE:HG12	0.46	2.10	7	1
1:A:51:MET:SD	1:A:52:TYR:N	0.46	2.88	15	1
1:A:33:PHE:O	1:A:109:ILE:CG2	0.46	2.64	8	1
1:A:31:PHE:HB3	1:A:33:PHE:CE1	0.46	2.46	8	5
1:A:127:ARG:CG	1:A:128:GLY:H	0.46	2.23	4	3
1:A:82:GLU:HG2	1:A:83:SER:H	0.46	1.70	4	1
1:A:23:LEU:HD21	1:A:65:ILE:CD1	0.46	2.40	17	1
1:A:5:GLN:HE22	1:A:23:LEU:HD12	0.46	1.69	13	1
1:A:124:MET:HE2	1:A:124:MET:HA	0.46	1.86	1	1
1:A:14:ARG:CZ	1:A:14:ARG:CB	0.46	2.93	16	1
1:A:107:THR:OG1	1:A:107:THR:O	0.46	2.34	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:86:ASP:OD1	1:A:87:TRP:CZ3	0.46	2.68	9	1
1:A:114:ILE:N	1:A:123:SER:O	0.46	2.48	19	2
1:A:8:LYS:HD3	1:A:8:LYS:H	0.46	1.69	15	5
1:A:82:GLU:HG3	1:A:83:SER:N	0.46	2.25	4	1
1:A:63:GLU:OE1	1:A:88:LEU:HD12	0.46	2.11	12	1
1:A:127:ARG:C	1:A:131:GLN:OE1	0.46	2.54	12	2
1:A:75:ASP:N	1:A:75:ASP:OD1	0.46	2.45	10	1
1:A:86:ASP:OD1	1:A:87:TRP:CE2	0.46	2.68	9	1
1:A:13:ASN:C	1:A:14:ARG:HE	0.46	2.13	2	1
1:A:9:LEU:HD21	1:A:89:ALA:C	0.46	2.31	12	1
1:A:73:GLU:OE2	1:A:92:TYR:OH	0.46	2.29	13	1
1:A:125:ASN:ND2	1:A:127:ARG:HG2	0.46	2.26	18	1
1:A:35:ALA:N	1:A:68:SER:HB3	0.46	2.26	5	5
1:A:4:ILE:HG22	1:A:96:PRO:HB2	0.46	1.87	20	2
1:A:8:LYS:H	1:A:8:LYS:HD3	0.46	1.69	9	7
1:A:11:LYS:N	1:A:15:CYS:O	0.46	2.49	19	1
1:A:125:ASN:ND2	1:A:127:ARG:HD2	0.46	2.24	15	1
1:A:114:ILE:O	1:A:122:ILE:CG2	0.46	2.64	14	1
1:A:63:GLU:OE1	1:A:65:ILE:CD1	0.46	2.63	14	1
1:A:8:LYS:N	1:A:8:LYS:HD2	0.46	2.26	12	5
1:A:54:GLU:OE2	1:A:54:GLU:O	0.46	2.34	8	1
1:A:100:VAL:HG12	1:A:101:THR:N	0.46	2.26	3	3
1:A:133:LEU:HD22	1:A:136:ARG:NE	0.46	2.26	19	2
1:A:70:ASP:OD1	1:A:70:ASP:N	0.45	2.46	14	5
1:A:133:LEU:HD22	1:A:136:ARG:CD	0.45	2.41	12	3
1:A:64:ILE:HG22	1:A:64:ILE:O	0.45	2.11	1	3
1:A:22:ALA:C	1:A:88:LEU:CD1	0.45	2.85	17	1
1:A:139:GLN:HG3	1:A:140:ASN:N	0.45	2.26	18	3
1:A:106:ILE:CD1	1:A:113:VAL:CG2	0.45	2.95	12	2
1:A:44:PHE:CG	1:A:131:GLN:OE1	0.45	2.69	2	1
1:A:133:LEU:HD22	1:A:136:ARG:CG	0.45	2.41	16	1
1:A:9:LEU:HD13	1:A:19:ALA:CB	0.45	2.27	8	1
1:A:54:GLU:HG3	1:A:55:LEU:N	0.45	2.26	20	4
1:A:9:LEU:HD22	1:A:90:ILE:HG23	0.45	1.88	7	2
1:A:19:ALA:O	1:A:23:LEU:HD12	0.45	2.11	19	1
1:A:125:ASN:ND2	1:A:127:ARG:HD3	0.45	2.26	15	1
1:A:9:LEU:HD22	1:A:88:LEU:HB3	0.45	1.88	12	1
1:A:9:LEU:HD23	1:A:89:ALA:O	0.45	2.11	12	1
1:A:14:ARG:HG3	1:A:77:PHE:CD2	0.45	2.47	9	1
1:A:9:LEU:CD2	1:A:89:ALA:C	0.45	2.85	12	1
1:A:118:ASP:O	1:A:118:ASP:CG	0.45	2.55	19	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:112:LEU:HD22	1:A:141:TRP:CZ2	0.45	2.47	11	1
1:A:5:GLN:CA	1:A:5:GLN:OE1	0.45	2.64	16	1
1:A:70:ASP:O	1:A:71:ARG:C	0.45	2.55	17	7
1:A:136:ARG:HG3	1:A:136:ARG:O	0.45	2.10	12	1
1:A:118:ASP:OD1	1:A:118:ASP:C	0.45	2.55	19	1
1:A:79:TYR:CD1	1:A:82:GLU:OE2	0.45	2.70	13	1
1:A:48:LEU:HG	1:A:84:HIS:CD2	0.45	2.47	17	11
1:A:66:PHE:CE1	1:A:80:MET:HG2	0.45	2.46	5	2
1:A:99:ASN:N	1:A:99:ASN:HD22	0.45	2.09	4	1
1:A:52:TYR:O	1:A:56:VAL:CB	0.45	2.65	1	4
1:A:24:LYS:HG2	1:A:25:ASP:N	0.45	2.26	16	7
1:A:8:LYS:H	1:A:8:LYS:HD2	0.45	1.72	1	3
1:A:129:GLU:OE1	1:A:140:ASN:OD1	0.45	2.35	10	1
1:A:8:LYS:HD2	1:A:8:LYS:N	0.45	2.25	5	4
1:A:18:ASN:O	1:A:19:ALA:C	0.45	2.55	19	7
1:A:29:ILE:HG22	1:A:30:GLY:N	0.45	2.26	4	1
1:A:23:LEU:C	1:A:25:ASP:OD1	0.45	2.56	14	2
1:A:127:ARG:CZ	1:A:131:GLN:OE1	0.45	2.65	6	1
1:A:125:ASN:ND2	1:A:127:ARG:HG3	0.44	2.27	15	1
1:A:136:ARG:O	1:A:136:ARG:HG3	0.44	2.12	6	2
1:A:65:ILE:HG22	1:A:90:ILE:HG13	0.44	1.88	5	2
1:A:48:LEU:O	1:A:51:MET:HG2	0.44	2.12	3	2
1:A:45:THR:O	1:A:48:LEU:N	0.44	2.49	11	1
1:A:127:ARG:CG	1:A:128:GLY:N	0.44	2.79	16	1
1:A:19:ALA:O	1:A:23:LEU:CG	0.44	2.65	14	3
1:A:45:THR:C	1:A:47:ILE:N	0.44	2.70	11	5
1:A:117:LYS:HD2	1:A:118:ASP:N	0.44	2.28	2	1
1:A:34:SER:N	1:A:68:SER:HB2	0.44	2.27	19	1
1:A:54:GLU:O	1:A:54:GLU:OE2	0.44	2.36	17	1
1:A:106:ILE:O	1:A:107:THR:CB	0.44	2.65	17	2
1:A:63:GLU:OE1	1:A:65:ILE:HD13	0.44	2.13	14	1
1:A:63:GLU:HG3	1:A:64:ILE:N	0.44	2.28	16	1
1:A:25:ASP:CG	1:A:28:ILE:O	0.44	2.56	1	1
1:A:122:ILE:CD1	1:A:141:TRP:C	0.44	2.86	14	3
1:A:24:LYS:CG	1:A:25:ASP:H	0.44	2.25	18	1
1:A:44:PHE:CD2	1:A:127:ARG:CZ	0.44	3.01	16	1
1:A:45:THR:CB	1:A:46:PRO:CD	0.44	2.96	13	7
1:A:49:ALA:O	1:A:52:TYR:HD1	0.44	1.95	7	6
1:A:10:VAL:HG22	1:A:16:GLU:HG2	0.44	1.89	7	1
1:A:125:ASN:C	1:A:125:ASN:ND2	0.44	2.71	19	1
1:A:99:ASN:ND2	1:A:99:ASN:N	0.44	2.66	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:73:GLU:O	1:A:77:PHE:CZ	0.44	2.71	4	1
1:A:114:ILE:HG22	1:A:122:ILE:HG21	0.44	1.89	17	1
1:A:48:LEU:O	1:A:51:MET:HG3	0.44	2.12	15	3
1:A:122:ILE:HD11	1:A:143:ARG:H	0.44	1.71	14	1
1:A:49:ALA:O	1:A:53:SER:OG	0.43	2.33	12	1
1:A:17:VAL:HB	1:A:22:ALA:HB2	0.43	1.90	20	1
1:A:22:ALA:CB	1:A:88:LEU:CD1	0.43	2.93	20	1
1:A:95:GLY:C	1:A:97:ALA:N	0.43	2.71	4	2
1:A:74:ASP:OD2	1:A:75:ASP:OD1	0.43	2.36	5	1
1:A:138:PHE:C	1:A:138:PHE:CD1	0.43	2.91	4	1
1:A:126:GLY:O	1:A:130:VAL:HG23	0.43	2.13	9	1
1:A:63:GLU:HG2	1:A:64:ILE:N	0.43	2.29	2	6
1:A:129:GLU:OE1	1:A:129:GLU:CA	0.43	2.66	5	1
1:A:23:LEU:HD11	1:A:65:ILE:HD11	0.43	1.89	7	1
1:A:17:VAL:HG11	1:A:88:LEU:HD21	0.43	1.90	16	1
1:A:130:VAL:HG13	1:A:131:GLN:N	0.43	2.28	12	2
1:A:81:MET:O	1:A:81:MET:HG3	0.43	2.13	15	1
1:A:49:ALA:HB2	1:A:84:HIS:HD2	0.43	1.73	11	6
1:A:52:TYR:HE1	1:A:53:SER:HG	0.43	1.54	5	1
1:A:72:SER:O	1:A:76:MET:HB2	0.43	2.14	5	4
1:A:63:GLU:C	1:A:63:GLU:CD	0.43	2.78	11	2
1:A:139:GLN:HG2	1:A:140:ASN:N	0.43	2.29	8	2
1:A:109:ILE:HA	1:A:110:PRO:C	0.43	2.32	12	2
1:A:130:VAL:HG21	1:A:141:TRP:CH2	0.43	2.48	16	3
1:A:49:ALA:HA	1:A:52:TYR:CD1	0.43	2.49	3	5
1:A:88:LEU:CD1	1:A:88:LEU:N	0.43	2.81	7	3
1:A:67:VAL:CG1	1:A:68:SER:N	0.43	2.73	13	2
1:A:127:ARG:HG3	1:A:127:ARG:O	0.43	2.14	10	1
1:A:133:LEU:HD12	1:A:140:ASN:OD1	0.43	2.14	6	1
1:A:58:ASP:O	1:A:59:SER:OG	0.43	2.24	19	1
1:A:126:GLY:O	1:A:129:GLU:HB2	0.43	2.14	4	3
1:A:23:LEU:CD2	1:A:63:GLU:OE2	0.43	2.67	1	1
1:A:10:VAL:HG23	1:A:91:PRO:HG3	0.43	1.91	3	4
1:A:60:ALA:C	1:A:62:PHE:H	0.43	2.15	6	10
1:A:122:ILE:CD1	1:A:143:ARG:N	0.43	2.81	14	2
1:A:125:ASN:C	1:A:127:ARG:H	0.43	2.17	11	1
1:A:26:LYS:HA	1:A:117:LYS:HZ3	0.43	1.74	1	1
1:A:81:MET:HG3	1:A:81:MET:O	0.42	2.13	17	1
1:A:112:LEU:C	1:A:112:LEU:HD23	0.42	2.35	15	1
1:A:126:GLY:HA2	1:A:141:TRP:NE1	0.42	2.29	10	1
1:A:127:ARG:HG2	1:A:128:GLY:N	0.42	2.28	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:64:ILE:C	1:A:65:ILE:HD13	0.42	2.34	16	1
1:A:19:ALA:HB1	1:A:23:LEU:CD1	0.42	2.44	1	1
1:A:76:MET:C	1:A:80:MET:SD	0.42	2.98	8	1
1:A:31:PHE:N	1:A:113:VAL:O	0.42	2.53	17	2
1:A:79:TYR:O	1:A:84:HIS:ND1	0.42	2.52	18	1
1:A:112:LEU:CD2	1:A:141:TRP:CH2	0.42	3.02	11	1
1:A:52:TYR:CZ	1:A:86:ASP:OD2	0.42	2.72	6	1
1:A:26:LYS:H	1:A:117:LYS:HZ2	0.42	1.57	18	1
1:A:127:ARG:O	1:A:129:GLU:N	0.42	2.52	5	1
1:A:25:ASP:CG	1:A:63:GLU:CB	0.42	2.88	3	1
1:A:17:VAL:O	1:A:18:ASN:C	0.42	2.58	5	1
1:A:62:PHE:O	1:A:63:GLU:OE1	0.42	2.38	19	1
1:A:10:VAL:HG22	1:A:16:GLU:CG	0.42	2.44	11	1
1:A:31:PHE:CD2	1:A:65:ILE:HG13	0.42	2.50	14	4
1:A:11:LYS:NZ	1:A:11:LYS:CB	0.42	2.83	2	1
1:A:34:SER:OG	1:A:110:PRO:HB3	0.42	2.15	20	1
1:A:28:ILE:O	1:A:62:PHE:HA	0.42	2.15	20	2
1:A:63:GLU:HA	1:A:87:TRP:CE2	0.42	2.50	11	1
1:A:9:LEU:HD21	1:A:19:ALA:HB2	0.42	1.92	7	3
1:A:44:PHE:O	1:A:47:ILE:HB	0.42	2.15	10	1
1:A:64:ILE:O	1:A:64:ILE:HG22	0.42	2.13	9	1
1:A:45:THR:HG22	1:A:84:HIS:NE2	0.42	2.29	11	4
1:A:66:PHE:CD1	1:A:80:MET:CG	0.42	3.03	5	1
1:A:113:VAL:HG22	1:A:124:MET:HG3	0.42	1.92	12	1
1:A:6:GLY:HA2	1:A:20:ASN:ND2	0.42	2.30	3	1
1:A:8:LYS:HD3	1:A:8:LYS:N	0.42	2.29	19	1
1:A:54:GLU:HG2	1:A:55:LEU:N	0.42	2.29	9	1
1:A:127:ARG:C	1:A:129:GLU:N	0.41	2.73	5	2
1:A:108:GLY:O	1:A:109:ILE:C	0.41	2.58	12	1
1:A:71:ARG:HD2	1:A:72:SER:N	0.41	2.30	3	1
1:A:140:ASN:H	1:A:140:ASN:HD22	0.41	1.56	17	1
1:A:25:ASP:CG	1:A:117:LYS:CD	0.41	2.88	13	1
1:A:67:VAL:O	1:A:68:SER:HB2	0.41	2.15	17	1
1:A:54:GLU:CG	1:A:55:LEU:N	0.41	2.83	9	1
1:A:12:LYS:C	1:A:14:ARG:N	0.41	2.74	5	3
1:A:48:LEU:CG	1:A:84:HIS:NE2	0.41	2.83	13	2
1:A:48:LEU:HG	1:A:84:HIS:NE2	0.41	2.30	10	2
1:A:31:PHE:CB	1:A:33:PHE:CZ	0.41	3.03	16	1
1:A:55:LEU:C	1:A:60:ALA:HB2	0.41	2.36	9	1
1:A:78:GLN:O	1:A:82:GLU:N	0.41	2.53	1	1
1:A:142:ALA:C	1:A:143:ARG:O	0.41	2.59	11	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:51:MET:SD	1:A:135:PRO:HA	0.41	2.56	10	3
1:A:125:ASN:O	1:A:126:GLY:C	0.41	2.58	15	1
1:A:63:GLU:OE1	1:A:63:GLU:N	0.41	2.54	19	1
1:A:98:SER:O	1:A:101:THR:N	0.41	2.54	14	3
1:A:116:LYS:CD	1:A:120:THR:HB	0.41	2.46	18	1
1:A:124:MET:HA	1:A:124:MET:CE	0.41	2.46	5	1
1:A:31:PHE:CE2	1:A:65:ILE:HG13	0.41	2.50	19	2
1:A:12:LYS:HG2	1:A:13:ASN:N	0.41	2.31	7	1
1:A:33:PHE:CD2	1:A:101:THR:HG23	0.41	2.49	6	1
1:A:14:ARG:CB	1:A:14:ARG:CZ	0.41	2.99	18	1
1:A:25:ASP:OD1	1:A:63:GLU:HB3	0.41	2.16	12	2
1:A:95:GLY:N	1:A:96:PRO:HD2	0.41	2.31	20	1
1:A:34:SER:O	1:A:34:SER:OG	0.41	2.37	7	1
1:A:44:PHE:CE2	1:A:131:GLN:HG2	0.41	2.50	17	1
1:A:66:PHE:CE2	1:A:70:ASP:CG	0.41	2.95	15	1
1:A:7:ILE:CD1	1:A:94:SER:OG	0.40	2.69	5	1
1:A:62:PHE:CZ	1:A:64:ILE:HD11	0.40	2.50	14	1
1:A:66:PHE:CD1	1:A:70:ASP:OD2	0.40	2.74	16	1
1:A:126:GLY:HA2	1:A:141:TRP:HE1	0.40	1.76	9	1
1:A:56:VAL:HA	1:A:60:ALA:CB	0.40	2.47	18	1
1:A:52:TYR:CE2	1:A:86:ASP:HB2	0.40	2.51	16	2
1:A:99:ASN:HD22	1:A:103:LYS:NZ	0.40	2.15	20	1
1:A:30:GLY:O	1:A:65:ILE:N	0.40	2.54	4	1
1:A:51:MET:HG2	1:A:135:PRO:N	0.40	2.32	2	2
1:A:66:PHE:HB3	1:A:89:ALA:HB1	0.40	1.93	3	1
1:A:34:SER:OG	1:A:110:PRO:CB	0.40	2.70	20	1
1:A:127:ARG:NE	1:A:131:GLN:OE1	0.40	2.51	19	1
1:A:68:SER:O	1:A:69:SER:C	0.40	2.59	4	1
1:A:114:ILE:HB	1:A:123:SER:O	0.40	2.17	1	1
1:A:65:ILE:CD1	1:A:65:ILE:N	0.40	2.84	12	1
1:A:133:LEU:O	1:A:136:ARG:HG3	0.40	2.17	20	1
1:A:50:ASP:C	1:A:50:ASP:OD1	0.40	2.59	15	1
1:A:124:MET:CE	1:A:124:MET:HA	0.40	2.46	14	1
1:A:130:VAL:HG23	1:A:141:TRP:NE1	0.40	2.32	10	1
1:A:51:MET:HG3	1:A:130:VAL:HG13	0.40	1.92	10	1
1:A:17:VAL:CG1	1:A:88:LEU:CD2	0.40	2.99	16	1
1:A:23:LEU:CD2	1:A:63:GLU:OE1	0.40	2.67	13	1

6.3 Torsion angles

6.3.1 Protein backbone

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all PDB entries followed by that with respect to all NMR entries. The Analysed column shows the number of residues for which the backbone conformation was analysed and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	132/143 (92%)	94±2 (71±2%)	18±3 (14±2%)	20±2 (15±2%)	1	4
All	All	2640/2860 (92%)	1876 (71%)	366 (14%)	398 (15%)	1	4

All 29 unique Ramachandran outliers are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	34	SER	20
1	A	60	ALA	20
1	A	71	ARG	20
1	A	83	SER	20
1	A	95	GLY	20
1	A	24	LYS	20
1	A	69	SER	20
1	A	92	TYR	20
1	A	26	LYS	19
1	A	138	PHE	18
1	A	127	ARG	17
1	A	96	PRO	16
1	A	61	PRO	16
1	A	25	ASP	16
1	A	125	ASN	16
1	A	87	TRP	15
1	A	35	ALA	15
1	A	85	GLY	14
1	A	19	ALA	13
1	A	106	ILE	13
1	A	27	ASP	12
1	A	124	MET	10
1	A	13	ASN	9
1	A	23	LEU	6
1	A	46	PRO	5
1	A	12	LYS	2
1	A	68	SER	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	126	GLY	2
1	A	67	VAL	2

6.3.2 Protein sidechains ⓘ

In the following table, the Percentiles column shows the percent sidechain outliers of the chain as a percentile score with respect to all PDB entries followed by that with respect to all NMR entries. The Analysed column shows the number of residues for which the sidechain conformation was analysed and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
1	A	111/121 (92%)	70±2 (63±2%)	41±2 (37±2%)	1	8
All	All	2220/2420 (92%)	1404 (63%)	816 (37%)	1	8

All 87 unique residues with a non-rotameric sidechain are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	48	LEU	20
1	A	109	ILE	20
1	A	121	LEU	20
1	A	120	THR	20
1	A	90	ILE	20
1	A	52	TYR	20
1	A	58	ASP	20
1	A	4	ILE	20
1	A	28	ILE	19
1	A	68	SER	19
1	A	122	ILE	19
1	A	72	SER	17
1	A	8	LYS	17
1	A	62	PHE	17
1	A	125	ASN	17
1	A	107	THR	17
1	A	64	ILE	16
1	A	77	PHE	14
1	A	130	VAL	14
1	A	84	HIS	14
1	A	54	GLU	14
1	A	59	SER	14
1	A	11	LYS	13

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	29	ILE	13
1	A	17	VAL	13
1	A	20	ASN	13
1	A	115	VAL	13
1	A	67	VAL	13
1	A	12	LYS	12
1	A	71	ARG	12
1	A	124	MET	12
1	A	9	LEU	11
1	A	86	ASP	11
1	A	81	MET	11
1	A	66	PHE	11
1	A	129	GLU	11
1	A	69	SER	11
1	A	15	CYS	11
1	A	27	ASP	11
1	A	74	ASP	10
1	A	143	ARG	10
1	A	5	GLN	9
1	A	127	ARG	9
1	A	98	SER	9
1	A	118	ASP	9
1	A	63	GLU	8
1	A	136	ARG	8
1	A	18	ASN	8
1	A	123	SER	8
1	A	117	LYS	8
1	A	50	ASP	7
1	A	88	LEU	7
1	A	94	SER	7
1	A	24	LYS	7
1	A	14	ARG	6
1	A	99	ASN	6
1	A	13	ASN	6
1	A	112	LEU	5
1	A	21	GLU	5
1	A	140	ASN	5
1	A	73	GLU	5
1	A	139	GLN	4
1	A	92	TYR	4
1	A	45	THR	4
1	A	70	ASP	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	34	SER	4
1	A	76	MET	4
1	A	65	ILE	3
1	A	80	MET	3
1	A	78	GLN	3
1	A	103	LYS	3
1	A	82	GLU	3
1	A	25	ASP	3
1	A	75	ASP	3
1	A	100	VAL	2
1	A	131	GLN	2
1	A	104	TYR	2
1	A	26	LYS	2
1	A	93	ARG	2
1	A	44	PHE	2
1	A	79	TYR	1
1	A	133	LEU	1
1	A	47	ILE	1
1	A	32	TYR	1
1	A	16	GLU	1
1	A	46	PRO	1
1	A	113	VAL	1

6.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

6.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

The completeness of assignment taking into account all chemical shift lists is 78% for the well-defined parts and 75% for the entire structure.

7.1 Chemical shift list 1

File name: 2lus_cs.str

Chemical shift list name: *assigned_chem_shift_list_1*

7.1.1 Bookkeeping

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

Total number of shifts	1450
Number of shifts mapped to atoms	1450
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Number of shift outliers (ShiftChecker)	5

7.1.2 Chemical shift referencing

The following table shows the suggested chemical shift referencing corrections.

Nucleus	# values	Correction \pm precision, ppm	Suggested action
$^{13}\text{C}_\alpha$	135	-0.12 ± 0.14	None needed (< 0.5 ppm)
$^{13}\text{C}_\beta$	123	0.28 ± 0.15	None needed (< 0.5 ppm)
$^{13}\text{C}'$	0	—	—
^{15}N	124	0.60 ± 0.39	None needed (imprecise)

7.1.3 Completeness of resonance assignments

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the well-defined regions of the structure. The overall completeness is 78%, i.e. 1256 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1612. 0 out of 16 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	^1H	^{13}C	^{15}N
Backbone	504/653 (77%)	253/260 (97%)	130/266 (49%)	121/127 (95%)
Sidechain	662/824 (80%)	399/484 (82%)	256/304 (84%)	7/36 (19%)

Continued on next page...

Continued from previous page...

	Total	¹H	¹³C	¹⁵N
Aromatic	90/135 (67%)	56/71 (79%)	33/60 (55%)	1/4 (25%)
Overall	1256/1612 (78%)	708/815 (87%)	419/630 (67%)	129/167 (77%)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the full structure. The overall completeness is 75%, i.e. 1309 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1753. 0 out of 16 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	¹H	¹³C	¹⁵N
Backbone	520/699 (74%)	261/278 (94%)	135/286 (47%)	124/135 (92%)
Sidechain	682/890 (77%)	412/526 (78%)	263/325 (81%)	7/39 (18%)
Aromatic	107/164 (65%)	65/86 (76%)	40/71 (56%)	2/7 (29%)
Overall	1309/1753 (75%)	738/890 (83%)	438/682 (64%)	133/181 (73%)

7.1.4 Statistically unusual chemical shifts ⓘ

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

Mol	Chain	Res	Type	Atom	Shift, ppm	Expected range, ppm	Z-score
1	A	141	TRP	NE1	105.90	139.19 – 119.59	-12.0
1	A	14	ARG	HG3	-0.32	3.00 – 0.10	-6.4
1	A	64	ILE	HG21	-0.72	2.13 – -0.57	-5.6
1	A	64	ILE	HG23	-0.72	2.13 – -0.57	-5.6
1	A	64	ILE	HG22	-0.72	2.13 – -0.57	-5.6

7.1.5 Random Coil Index (RCI) plots ⓘ

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

Random coil index (RCI) for chain A:

