



Full wwPDB X-ray Structure Validation Report ⓘ

Feb 1, 2016 – 01:01 PM GMT

PDB ID : 3SNH
Title : Crystal structure of nucleotide-free human dynamin1
Authors : Faelber, K.; Daumke, O.
Deposited on : 2011-06-29
Resolution : 3.70 Å(reported)

This is a Full wwPDB X-ray 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/XrayValidationReportHelp>
with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

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

MolProbity : 4.02b-467
Mogul : 1.7 (RC4), CSD as536be (2015)
Xtriage (Phenix) : 1.9-1692
EDS : rb-20026688
Percentile statistics : 20151230.v01 (using entries in the PDB archive December 30th 2015)
Refmac : 5.8.0135
CCP4 : 6.5.0
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : trunk26865

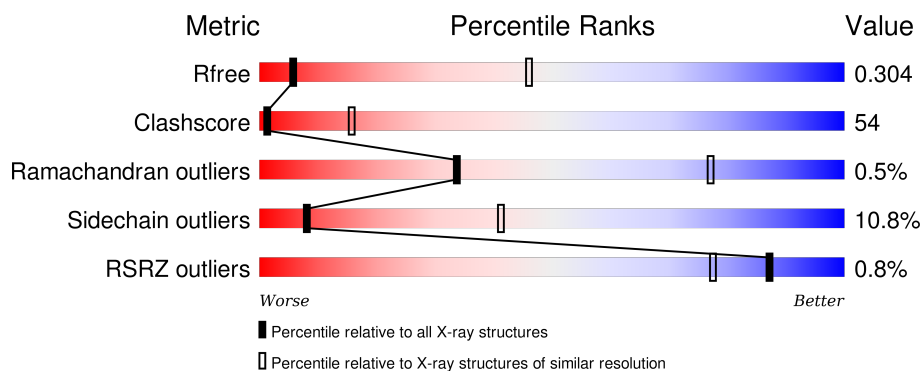
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

X-RAY DIFFRACTION

The reported resolution of this entry is 3.70 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)	Similar resolution (#Entries, resolution range(Å))
R_{free}	91344	1101 (3.90-3.50)
Clashscore	102246	1224 (3.90-3.50)
Ramachandran outliers	100387	1172 (3.90-3.50)
Sidechain outliers	100360	1170 (3.90-3.50)
RSRZ outliers	91569	1108 (3.90-3.50)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the electron density. The red, orange, yellow and green segments on the lower bar indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 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 $\leq 5\%$. The upper red bar (where present) indicates the fraction of residues that have poor fit to the electron density. The numeric value is given above the bar.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	743	

2 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 5285 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

In the tables below, the ZeroOcc column contains the number of atoms modelled with zero occupancy, 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 Dynamin-1.

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
1	A	652	Total	C	N	O	S	0	0	0
			5285	3340	926	992	27			

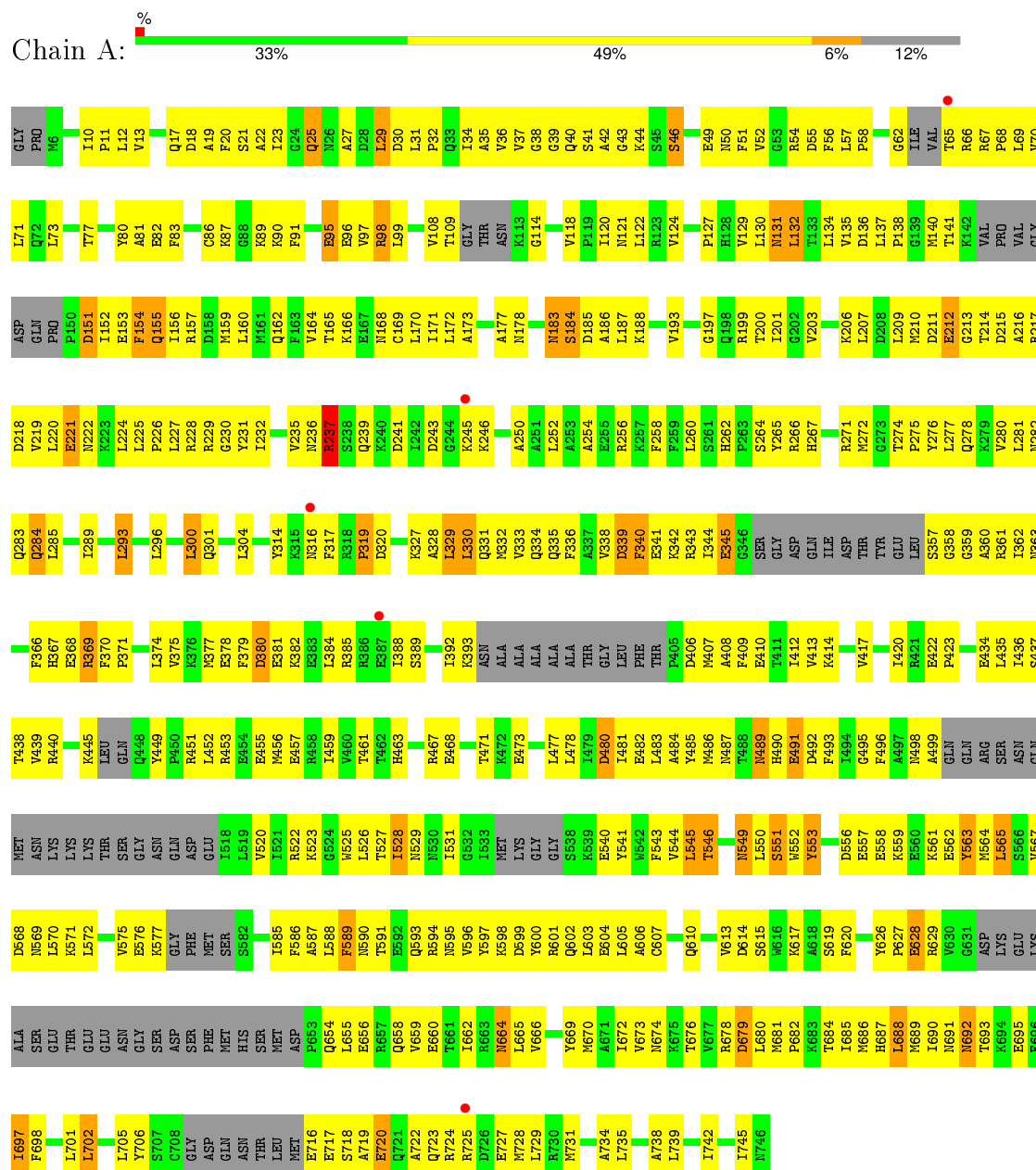
There are 8 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	4	GLY	-	EXPRESSION TAG	UNP Q05193
A	5	PRO	-	EXPRESSION TAG	UNP Q05193
A	395	ALA	ILE	ENGINEERED MUTATION	UNP Q05193
A	396	ALA	HIS	ENGINEERED MUTATION	UNP Q05193
A	397	ALA	GLY	ENGINEERED MUTATION	UNP Q05193
A	398	ALA	ILE	ENGINEERED MUTATION	UNP Q05193
A	399	ALA	ARG	ENGINEERED MUTATION	UNP Q05193
A	562	GLU	LYS	ENGINEERED MUTATION	UNP Q05193

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 and electron density. 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. A red dot above a residue indicates a poor fit to the electron density ($RSRZ > 2$). 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: Dynamin-1



4 Data and refinement statistics

Property	Value	Source
Space group	C 2 2 21	Depositor
Cell constants a, b, c, α , β , γ	155.06 Å 201.99 Å 59.02 Å 90.00° 90.00° 90.00°	Depositor
Resolution (Å)	32.59 – 3.70 32.59 – 3.60	Depositor EDS
% Data completeness (in resolution range)	99.4 (32.59-3.70) 99.5 (32.59-3.60)	Depositor EDS
R_{merge}	(Not available)	Depositor
R_{sym}	0.08	Depositor
$\langle I/\sigma(I) \rangle$ ¹	1.95 (at 3.56 Å)	Xtriage
Refinement program	REFMAC 5.6.0086	Depositor
R, R_{free}	0.288 , 0.331 0.287 , 0.304	Depositor DCC
R_{free} test set	512 reflections (5.27%)	DCC
Wilson B-factor (Å ²)	112.0	Xtriage
Anisotropy	0.303	Xtriage
Bulk solvent k_{sol} (e/Å ³), B_{sol} (Å ²)	0.24 , 91.6	EDS
Estimated twinning fraction	No twinning to report.	Xtriage
L-test for twinning ²	$\langle L \rangle = 0.46$, $\langle L^2 \rangle = 0.29$	Xtriage
Outliers	0 of 11096 reflections	Xtriage
F_o, F_c correlation	0.92	EDS
Total number of atoms	5285	wwPDB-VP
Average B, all atoms (Å ²)	176.0	wwPDB-VP

Xtriage's analysis on translational NCS is as follows: *The largest off-origin peak in the Patterson function is 4.71% of the height of the origin peak. No significant pseudotranslation is detected.*

¹Intensities estimated from amplitudes.

²Theoretical values of $\langle |L| \rangle$, $\langle L^2 \rangle$ for acentric reflections are 0.5, 0.375 respectively for untwinned datasets, and 0.333, 0.2 for perfectly twinned datasets.

5 Model quality [i](#)

5.1 Standard geometry [i](#)

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	$\# Z > 5$	RMSZ	$\# Z > 5$
1	A	0.37	1/5360 (0.0%)	0.55	2/7203 (0.0%)

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	1

All (1) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	237	ARG	CZ-NH2	6.11	1.41	1.33

All (2) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	237	ARG	NE-CZ-NH2	-8.94	115.83	120.30
1	A	237	ARG	NE-CZ-NH1	7.23	123.91	120.30

There are no chirality outliers.

All (1) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	237	ARG	Sidechain

5.2 Too-close contacts [i](#)

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	5285	0	5359	575	0
All	All	5285	0	5359	575	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 54.

All (575) 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)
1:A:42:ALA:CB	1:A:43:GLY:HA2	1.73	1.18
1:A:210:MET:HB3	1:A:214:THR:HB	1.26	1.15
1:A:164:VAL:HG23	1:A:193:VAL:HG11	1.33	1.11
1:A:206:LYS:HD3	1:A:209:LEU:HD11	1.30	1.09
1:A:71:LEU:HD13	1:A:122:LEU:HD11	1.35	1.09
1:A:177:ALA:HB1	1:A:210:MET:HE3	1.31	1.08
1:A:217:ARG:HD2	1:A:264:SER:HB2	1.36	1.07
1:A:328:ALA:HB1	1:A:332:MET:SD	1.95	1.06
1:A:701:LEU:O	1:A:705:LEU:HD23	1.57	1.05
1:A:71:LEU:CD1	1:A:122:LEU:HD11	1.86	1.04
1:A:717:GLU:HA	1:A:718:SER:HB2	1.39	1.04
1:A:572:LEU:HD12	1:A:587:ALA:O	1.57	1.03
1:A:42:ALA:HB3	1:A:43:GLY:HA2	1.39	1.01
1:A:131:ASN:O	1:A:282:ASN:ND2	1.98	0.97
1:A:71:LEU:CD1	1:A:122:LEU:CD1	2.43	0.97
1:A:241:ASP:OD1	1:A:243:ASP:O	1.84	0.95
1:A:271:ARG:HG3	1:A:276:TYR:CE2	2.02	0.94
1:A:177:ALA:CB	1:A:210:MET:HE3	1.98	0.94
1:A:333:VAL:CG1	1:A:702:LEU:HD22	1.98	0.94
1:A:333:VAL:HG12	1:A:702:LEU:HD22	1.48	0.93
1:A:71:LEU:HD12	1:A:122:LEU:CD1	1.97	0.93
1:A:39:GLY:HA3	1:A:185:ASP:HB2	1.51	0.93
1:A:40:GLN:HG2	1:A:41:SER:H	1.33	0.92
1:A:42:ALA:HB1	1:A:43:GLY:HA2	1.53	0.91
1:A:177:ALA:HB1	1:A:210:MET:CE	2.01	0.90
1:A:42:ALA:CB	1:A:43:GLY:CA	2.50	0.89
1:A:388:ILE:HG21	1:A:659:VAL:HG22	1.55	0.89
1:A:70:VAL:HB	1:A:121:ASN:HA	1.52	0.88
1:A:164:VAL:CG2	1:A:193:VAL:HG11	2.04	0.88
1:A:201:ILE:O	1:A:227:LEU:HD12	1.73	0.87

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:410:GLU:HG2	1:A:414:LYS:HD3	1.57	0.87
1:A:626:TYR:HB3	1:A:627:PRO:HD2	1.56	0.87
1:A:52:VAL:HA	1:A:129:VAL:HG12	1.54	0.87
1:A:222:ASN:OD1	1:A:226:PRO:HA	1.75	0.87
1:A:331:GLN:O	1:A:335:GLN:HG3	1.73	0.86
1:A:724:ARG:O	1:A:728:MET:N	2.07	0.86
1:A:35:ALA:HB2	1:A:169:CYS:SG	2.15	0.86
1:A:344:ILE:O	1:A:360:ALA:HA	1.74	0.86
1:A:69:LEU:HD12	1:A:120:ILE:HB	1.58	0.86
1:A:221:GLU:HA	1:A:221:GLU:OE1	1.75	0.85
1:A:69:LEU:HD13	1:A:120:ILE:HD12	1.55	0.84
1:A:359:GLY:O	1:A:363:ASN:HB2	1.76	0.84
1:A:219:VAL:O	1:A:231:TYR:HD2	1.60	0.84
1:A:20:PHE:CE2	1:A:29:LEU:HG	2.12	0.84
1:A:572:LEU:HD11	1:A:586:PHE:HD2	1.43	0.84
1:A:164:VAL:CG2	1:A:193:VAL:HG21	2.08	0.83
1:A:456:MET:SD	1:A:701:LEU:HD21	2.18	0.83
1:A:572:LEU:CD1	1:A:587:ALA:O	2.26	0.83
1:A:178:ASN:HB2	1:A:209:LEU:HD12	1.60	0.82
1:A:224:LEU:HA	1:A:225:LEU:HD23	1.61	0.82
1:A:300:LEU:HD22	1:A:739:LEU:HD11	1.60	0.82
1:A:42:ALA:HB1	1:A:43:GLY:CA	2.10	0.82
1:A:39:GLY:CA	1:A:185:ASP:HB2	2.11	0.81
1:A:91:PHE:CE2	1:A:96:GLU:HB3	2.14	0.81
1:A:377:MET:HB2	1:A:423:PRO:HG3	1.62	0.81
1:A:409:PHE:O	1:A:413:VAL:HG22	1.81	0.81
1:A:345:GLU:OE2	1:A:345:GLU:HA	1.78	0.81
1:A:731:MET:HG3	1:A:735:LEU:HD12	1.60	0.81
1:A:89:LYS:HE2	1:A:91:PHE:HA	1.62	0.81
1:A:178:ASN:CG	1:A:209:LEU:HB3	2.00	0.80
1:A:662:ILE:HD13	1:A:665:LEU:HD12	1.63	0.80
1:A:40:GLN:HG2	1:A:41:SER:N	1.95	0.80
1:A:210:MET:HB3	1:A:214:THR:CB	2.08	0.80
1:A:359:GLY:HA2	1:A:362:ILE:HG22	1.64	0.80
1:A:50:ASN:HD21	1:A:236:ASN:HD22	1.29	0.80
1:A:301:GLN:HA	1:A:304:LEU:HD12	1.62	0.80
1:A:389:SER:O	1:A:392:ILE:HG12	1.81	0.80
1:A:91:PHE:HE2	1:A:96:GLU:HB3	1.47	0.80
1:A:702:LEU:N	1:A:702:LEU:HD23	1.97	0.79
1:A:132:LEU:HD21	1:A:281:LEU:CB	2.11	0.79
1:A:197:GLY:HA3	1:A:228:ARG:H	1.47	0.79

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:201:ILE:O	1:A:230:GLY:O	2.00	0.79
1:A:177:ALA:O	1:A:210:MET:CE	2.31	0.79
1:A:30:ASP:O	1:A:296:LEU:HD13	1.83	0.79
1:A:241:ASP:CG	1:A:245:LYS:O	2.22	0.78
1:A:702:LEU:H	1:A:702:LEU:HD23	1.46	0.77
1:A:219:VAL:O	1:A:222:ASN:HA	1.85	0.77
1:A:314:TYR:CD2	1:A:317:PHE:HA	2.20	0.77
1:A:206:LYS:CD	1:A:209:LEU:HD11	2.14	0.77
1:A:178:ASN:HB2	1:A:209:LEU:CD1	2.15	0.77
1:A:12:LEU:HD23	1:A:293:LEU:HD11	1.65	0.77
1:A:201:ILE:HA	1:A:229:ARG:HB2	1.66	0.76
1:A:154:PHE:CD2	1:A:154:PHE:C	2.57	0.76
1:A:132:LEU:HD23	1:A:134:LEU:HD21	1.68	0.76
1:A:200:THR:HG22	1:A:227:LEU:HD13	1.66	0.76
1:A:691:ASN:O	1:A:695:GLU:HG2	1.86	0.75
1:A:71:LEU:HD13	1:A:122:LEU:CD1	2.08	0.75
1:A:300:LEU:HD21	1:A:735:LEU:HD23	1.69	0.75
1:A:422:GLU:HB3	1:A:423:PRO:HD3	1.67	0.75
1:A:607:CYS:SG	1:A:613:VAL:HG22	2.26	0.74
1:A:71:LEU:HA	1:A:122:LEU:CD1	2.18	0.74
1:A:69:LEU:CD1	1:A:120:ILE:HB	2.16	0.74
1:A:485:TYR:HE2	1:A:487:ASN:HB3	1.53	0.73
1:A:304:LEU:HD11	1:A:739:LEU:HD13	1.71	0.73
1:A:17:GLN:O	1:A:21:SER:OG	2.06	0.72
1:A:557:GLU:O	1:A:559:LYS:HD3	1.90	0.72
1:A:455:GLU:OE2	1:A:705:LEU:HD13	1.89	0.72
1:A:330:LEU:O	1:A:334:GLN:HB3	1.90	0.72
1:A:528:ILE:CD1	1:A:541:TYR:HD2	2.02	0.72
1:A:206:LYS:HB3	1:A:209:LEU:HG	1.70	0.72
1:A:52:VAL:CA	1:A:129:VAL:HG12	2.19	0.72
1:A:151:ASP:O	1:A:155:GLN:HG2	1.90	0.72
1:A:607:CYS:SG	1:A:613:VAL:CG2	2.78	0.72
1:A:218:ASP:O	1:A:221:GLU:HB2	1.89	0.72
1:A:177:ALA:CA	1:A:210:MET:HE3	2.18	0.71
1:A:177:ALA:O	1:A:210:MET:HE3	1.90	0.71
1:A:565:LEU:HD11	1:A:596:VAL:HG12	1.71	0.71
1:A:374:LEU:O	1:A:378:GLU:HG3	1.91	0.71
1:A:65:THR:HA	1:A:138:PRO:HA	1.72	0.71
1:A:211:ASP:O	1:A:213:GLY:N	2.24	0.71
1:A:724:ARG:O	1:A:728:MET:HG2	1.90	0.71
1:A:459:ILE:HG21	1:A:701:LEU:HD12	1.73	0.71

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:723:GLN:O	1:A:727:GLU:HG3	1.90	0.71
1:A:27:ALA:HB3	1:A:162:GLN:NE2	2.06	0.71
1:A:132:LEU:HD21	1:A:281:LEU:HB2	1.70	0.71
1:A:338:VAL:O	1:A:342:LYS:HB2	1.90	0.71
1:A:697:ILE:HG12	1:A:701:LEU:HD22	1.71	0.70
1:A:156:ILE:O	1:A:159:MET:HG2	1.92	0.70
1:A:688:LEU:N	1:A:688:LEU:HD23	2.06	0.70
1:A:34:ILE:HG12	1:A:170:LEU:HD11	1.73	0.70
1:A:71:LEU:HA	1:A:122:LEU:HD12	1.72	0.70
1:A:384:LEU:O	1:A:388:ILE:HD13	1.91	0.69
1:A:485:TYR:CE2	1:A:487:ASN:HB3	2.27	0.69
1:A:224:LEU:N	1:A:225:LEU:HA	2.07	0.69
1:A:177:ALA:C	1:A:210:MET:HE3	2.13	0.69
1:A:241:ASP:OD1	1:A:245:LYS:O	2.09	0.69
1:A:164:VAL:HG23	1:A:193:VAL:CG1	2.19	0.69
1:A:328:ALA:O	1:A:332:MET:N	2.25	0.69
1:A:528:ILE:CG2	1:A:529:ASN:N	2.55	0.69
1:A:572:LEU:HD11	1:A:586:PHE:CD2	2.27	0.68
1:A:528:ILE:CD1	1:A:541:TYR:CD2	2.75	0.68
1:A:687:HIS:CD2	1:A:688:LEU:CD2	2.76	0.68
1:A:69:LEU:HD21	1:A:122:LEU:HD21	1.74	0.68
1:A:218:ASP:HA	1:A:221:GLU:HB2	1.75	0.68
1:A:731:MET:HG3	1:A:735:LEU:CD1	2.24	0.68
1:A:34:ILE:O	1:A:135:VAL:HB	1.93	0.68
1:A:154:PHE:CD2	1:A:155:GLN:OE1	2.47	0.68
1:A:172:LEU:HD11	1:A:203:VAL:CG2	2.24	0.68
1:A:178:ASN:OD1	1:A:209:LEU:HB3	1.94	0.67
1:A:154:PHE:HD2	1:A:155:GLN:N	1.93	0.67
1:A:83:PHE:CZ	1:A:97:VAL:HG13	2.30	0.67
1:A:692:ASN:C	1:A:692:ASN:HD22	1.98	0.67
1:A:690:ILE:HG22	1:A:691:ASN:N	2.09	0.67
1:A:330:LEU:O	1:A:334:GLN:CB	2.41	0.67
1:A:178:ASN:HB2	1:A:209:LEU:HB2	1.76	0.67
1:A:164:VAL:HG21	1:A:193:VAL:HG21	1.76	0.67
1:A:121:ASN:O	1:A:121:ASN:OD1	2.13	0.66
1:A:410:GLU:CG	1:A:414:LYS:HD3	2.25	0.66
1:A:359:GLY:HA2	1:A:362:ILE:CG2	2.25	0.66
1:A:197:GLY:O	1:A:228:ARG:HB2	1.96	0.66
1:A:687:HIS:CD2	1:A:688:LEU:HD21	2.31	0.66
1:A:490:HIS:CD2	1:A:491:GLU:H	2.14	0.66
1:A:52:VAL:HA	1:A:129:VAL:CG1	2.27	0.65

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:89:LYS:HG2	1:A:90:LYS:N	2.12	0.65
1:A:27:ALA:CB	1:A:162:GLN:NE2	2.59	0.65
1:A:224:LEU:HA	1:A:225:LEU:CD2	2.25	0.65
1:A:572:LEU:CD1	1:A:586:PHE:HD2	2.09	0.65
1:A:370:PHE:CZ	1:A:374:LEU:HD21	2.32	0.65
1:A:626:TYR:HB3	1:A:627:PRO:CD	2.26	0.64
1:A:370:PHE:N	1:A:371:PRO:HD2	2.11	0.64
1:A:317:PHE:HZ	1:A:729:LEU:HG	1.62	0.64
1:A:201:ILE:HA	1:A:229:ARG:CB	2.27	0.64
1:A:558:GLU:C	1:A:559:LYS:HD2	2.17	0.64
1:A:576:GLU:HG2	1:A:577:LYS:H	1.62	0.64
1:A:576:GLU:HG2	1:A:577:LYS:N	2.12	0.64
1:A:317:PHE:O	1:A:317:PHE:CD2	2.51	0.64
1:A:498:ASN:O	1:A:499:ALA:CB	2.46	0.64
1:A:71:LEU:HD12	1:A:122:LEU:HD13	1.78	0.64
1:A:685:ILE:HG23	1:A:689:MET:HB2	1.79	0.64
1:A:42:ALA:HB1	1:A:44:LYS:N	2.13	0.63
1:A:37:VAL:HG23	1:A:171:ILE:HG23	1.79	0.63
1:A:333:VAL:HG11	1:A:702:LEU:HD22	1.80	0.63
1:A:217:ARG:HA	1:A:220:LEU:HD13	1.80	0.63
1:A:272:MET:HA	1:A:272:MET:HE2	1.81	0.63
1:A:20:PHE:HZ	1:A:735:LEU:HD23	1.64	0.63
1:A:520:VAL:HG11	1:A:523:LYS:HE2	1.79	0.63
1:A:489:ASN:N	1:A:489:ASN:OD1	2.32	0.63
1:A:456:MET:CE	1:A:701:LEU:HD21	2.29	0.62
1:A:40:GLN:CG	1:A:41:SER:H	2.03	0.62
1:A:543:PHE:CE2	1:A:605:LEU:HD21	2.34	0.62
1:A:589:PHE:HA	1:A:596:VAL:CG2	2.28	0.62
1:A:589:PHE:CZ	1:A:628:GLU:HG3	2.35	0.62
1:A:83:PHE:HZ	1:A:97:VAL:HG13	1.63	0.62
1:A:20:PHE:CD2	1:A:29:LEU:HG	2.35	0.62
1:A:528:ILE:HD12	1:A:541:TYR:HD2	1.63	0.62
1:A:200:THR:HG22	1:A:227:LEU:CD1	2.30	0.62
1:A:219:VAL:C	1:A:222:ASN:H	2.02	0.62
1:A:296:LEU:O	1:A:300:LEU:HB2	2.00	0.62
1:A:20:PHE:HE1	1:A:738:ALA:HB2	1.65	0.61
1:A:159:MET:O	1:A:162:GLN:HB3	2.01	0.61
1:A:177:ALA:O	1:A:210:MET:HE2	2.01	0.61
1:A:452:LEU:C	1:A:452:LEU:HD13	2.20	0.61
1:A:71:LEU:CD1	1:A:122:LEU:HD13	2.28	0.61
1:A:219:VAL:O	1:A:222:ASN:CA	2.48	0.61

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:449:TYR:O	1:A:453:ARG:HG2	1.99	0.61
1:A:132:LEU:HD21	1:A:281:LEU:HB3	1.82	0.61
1:A:170:LEU:HA	1:A:199:ARG:HB3	1.82	0.61
1:A:137:LEU:HD13	1:A:160:LEU:HD12	1.83	0.61
1:A:52:VAL:HG13	1:A:54:ARG:H	1.65	0.61
1:A:178:ASN:HB2	1:A:209:LEU:CB	2.29	0.60
1:A:471:THR:HG22	1:A:688:LEU:HB2	1.83	0.60
1:A:172:LEU:HD11	1:A:203:VAL:HG23	1.81	0.60
1:A:498:ASN:O	1:A:499:ALA:HB2	2.01	0.60
1:A:34:ILE:HG13	1:A:285:LEU:HD13	1.83	0.60
1:A:333:VAL:HG12	1:A:333:VAL:O	2.02	0.60
1:A:681:MET:HB2	1:A:682:PRO:HD3	1.83	0.60
1:A:572:LEU:CD2	1:A:617:LYS:HG2	2.31	0.60
1:A:576:GLU:O	1:A:577:LYS:HB2	2.01	0.60
1:A:317:PHE:CZ	1:A:729:LEU:HG	2.36	0.60
1:A:371:PRO:HA	1:A:374:LEU:HD23	1.84	0.60
1:A:527:THR:HA	1:A:540:GLU:HA	1.83	0.59
1:A:596:VAL:HG21	1:A:602:GLN:HA	1.84	0.59
1:A:218:ASP:CA	1:A:221:GLU:HB2	2.32	0.59
1:A:67:ARG:NH2	1:A:118:VAL:O	2.32	0.59
1:A:222:ASN:CG	1:A:226:PRO:HA	2.21	0.59
1:A:220:LEU:H	1:A:220:LEU:HD12	1.68	0.59
1:A:471:THR:HG21	1:A:689:MET:HG2	1.85	0.59
1:A:218:ASP:C	1:A:221:GLU:HB2	2.22	0.59
1:A:73:LEU:N	1:A:132:LEU:O	2.35	0.59
1:A:132:LEU:HD11	1:A:282:ASN:N	2.18	0.58
1:A:603:LEU:HD22	1:A:605:LEU:CD1	2.32	0.58
1:A:164:VAL:HB	1:A:193:VAL:HG21	1.84	0.58
1:A:39:GLY:HA2	1:A:140:MET:HB2	1.85	0.58
1:A:69:LEU:HD13	1:A:120:ILE:CD1	2.30	0.58
1:A:370:PHE:CE2	1:A:374:LEU:HD21	2.38	0.58
1:A:412:ILE:HG21	1:A:666:VAL:CG2	2.34	0.58
1:A:456:MET:HE3	1:A:701:LEU:HD21	1.85	0.58
1:A:164:VAL:CB	1:A:193:VAL:HG21	2.33	0.58
1:A:459:ILE:HG21	1:A:701:LEU:CD1	2.34	0.58
1:A:702:LEU:O	1:A:706:TYR:CD2	2.56	0.58
1:A:280:VAL:O	1:A:284:GLN:HB2	2.03	0.58
1:A:392:ILE:HG13	1:A:393:LYS:HG2	1.86	0.57
1:A:655:LEU:HD23	1:A:658:GLN:NE2	2.19	0.57
1:A:701:LEU:O	1:A:705:LEU:CD2	2.44	0.57
1:A:724:ARG:HG2	1:A:728:MET:HG2	1.86	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:589:PHE:HA	1:A:596:VAL:HG22	1.85	0.57
1:A:549:ASN:HA	1:A:567:VAL:HG13	1.86	0.57
1:A:219:VAL:O	1:A:231:TYR:CD2	2.49	0.57
1:A:702:LEU:CD2	1:A:702:LEU:N	2.67	0.57
1:A:300:LEU:HD21	1:A:735:LEU:CD2	2.34	0.57
1:A:122:LEU:O	1:A:122:LEU:HD12	2.04	0.57
1:A:379:PHE:HE2	1:A:384:LEU:HA	1.70	0.57
1:A:300:LEU:CD2	1:A:735:LEU:CD2	2.82	0.57
1:A:151:ASP:C	1:A:151:ASP:OD1	2.42	0.57
1:A:686:MET:HA	1:A:690:ILE:HB	1.87	0.56
1:A:170:LEU:O	1:A:170:LEU:HD12	2.05	0.56
1:A:20:PHE:CE2	1:A:29:LEU:CG	2.87	0.56
1:A:154:PHE:HD2	1:A:155:GLN:OE1	1.88	0.56
1:A:531:ILE:HG23	1:A:600:TYR:OH	2.05	0.56
1:A:314:TYR:CE2	1:A:317:PHE:HA	2.40	0.56
1:A:36:VAL:HB	1:A:136:ASP:HA	1.88	0.56
1:A:34:ILE:HG23	1:A:170:LEU:HD11	1.86	0.56
1:A:300:LEU:HD22	1:A:739:LEU:CD1	2.34	0.56
1:A:607:CYS:SG	1:A:613:VAL:HG23	2.46	0.56
1:A:172:LEU:CD1	1:A:203:VAL:HG23	2.36	0.56
1:A:669:TYR:O	1:A:672:ILE:HG13	2.06	0.56
1:A:557:GLU:O	1:A:558:GLU:HB2	2.05	0.56
1:A:73:LEU:HB2	1:A:132:LEU:O	2.04	0.56
1:A:314:TYR:CD2	1:A:316:ASN:O	2.58	0.56
1:A:687:HIS:CG	1:A:688:LEU:HD23	2.40	0.55
1:A:67:ARG:HH21	1:A:118:VAL:C	2.08	0.55
1:A:91:PHE:HD2	1:A:96:GLU:HB2	1.71	0.55
1:A:12:LEU:CD2	1:A:293:LEU:HD11	2.33	0.55
1:A:40:GLN:N	1:A:185:ASP:OD2	2.39	0.55
1:A:71:LEU:HA	1:A:122:LEU:HD11	1.88	0.55
1:A:331:GLN:O	1:A:335:GLN:CG	2.53	0.55
1:A:572:LEU:HD23	1:A:617:LYS:HG2	1.89	0.55
1:A:18:ASP:HA	1:A:121:ASN:ND2	2.21	0.55
1:A:528:ILE:HD13	1:A:541:TYR:CD2	2.41	0.55
1:A:528:ILE:HG22	1:A:529:ASN:N	2.20	0.55
1:A:674:ASN:HB3	1:A:678:ARG:HH12	1.72	0.55
1:A:455:GLU:CD	1:A:705:LEU:HD13	2.27	0.55
1:A:217:ARG:HD2	1:A:264:SER:CB	2.23	0.55
1:A:589:PHE:HZ	1:A:628:GLU:HG3	1.71	0.55
1:A:304:LEU:HD21	1:A:735:LEU:HB3	1.88	0.55
1:A:557:GLU:O	1:A:559:LYS:CD	2.55	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:219:VAL:O	1:A:222:ASN:N	2.40	0.54
1:A:211:ASP:OD1	1:A:212:GLU:N	2.40	0.54
1:A:380:ASP:OD1	1:A:629:ARG:HG3	2.07	0.54
1:A:576:GLU:O	1:A:577:LYS:CB	2.55	0.54
1:A:56:PHE:O	1:A:98:ARG:HB2	2.07	0.54
1:A:410:GLU:O	1:A:414:LYS:HB2	2.07	0.54
1:A:522:ARG:HH22	1:A:615:SER:HB2	1.72	0.54
1:A:51:PHE:HA	1:A:278:GLN:HE21	1.72	0.54
1:A:67:ARG:HD3	1:A:120:ILE:CG1	2.37	0.54
1:A:596:VAL:CG2	1:A:602:GLN:HA	2.38	0.54
1:A:207:LEU:HD12	1:A:258:PHE:HE2	1.72	0.54
1:A:10:ILE:HB	1:A:11:PRO:HD3	1.90	0.54
1:A:154:PHE:CD2	1:A:155:GLN:N	2.73	0.54
1:A:495:GLY:O	1:A:496:PHE:HB2	2.08	0.54
1:A:178:ASN:CB	1:A:209:LEU:HB2	2.38	0.54
1:A:467:ARG:CD	1:A:692:ASN:OD1	2.56	0.53
1:A:528:ILE:HD13	1:A:541:TYR:CE2	2.43	0.53
1:A:603:LEU:HD22	1:A:605:LEU:HD12	1.90	0.53
1:A:319:PRO:CB	1:A:320:ASP:OD1	2.56	0.53
1:A:336:PHE:HA	1:A:339:ASP:HB2	1.89	0.53
1:A:222:ASN:O	1:A:226:PRO:N	2.41	0.53
1:A:81:ALA:HB2	1:A:124:VAL:HG23	1.91	0.53
1:A:18:ASP:HA	1:A:121:ASN:HD21	1.73	0.53
1:A:490:HIS:CG	1:A:491:GLU:H	2.26	0.53
1:A:37:VAL:CG2	1:A:171:ILE:HG23	2.39	0.53
1:A:486:MET:HA	1:A:669:TYR:OH	2.09	0.53
1:A:152:ILE:HD12	1:A:156:ILE:HD12	1.90	0.53
1:A:382:LYS:HA	1:A:385:ARG:HB3	1.91	0.53
1:A:152:ILE:HD12	1:A:153:GLU:N	2.24	0.52
1:A:381:GLU:HG2	1:A:382:LYS:H	1.74	0.52
1:A:388:ILE:O	1:A:392:ILE:HG23	2.08	0.52
1:A:588:LEU:O	1:A:596:VAL:HG21	2.09	0.52
1:A:178:ASN:CB	1:A:209:LEU:CB	2.87	0.52
1:A:122:LEU:HD12	1:A:122:LEU:C	2.29	0.52
1:A:34:ILE:HG23	1:A:170:LEU:CD1	2.39	0.52
1:A:670:MET:HE1	1:A:673:VAL:HG11	1.91	0.52
1:A:670:MET:O	1:A:673:VAL:HG12	2.10	0.52
1:A:687:HIS:O	1:A:691:ASN:HB2	2.10	0.52
1:A:328:ALA:O	1:A:332:MET:HB2	2.09	0.52
1:A:20:PHE:HZ	1:A:735:LEU:CD2	2.22	0.52
1:A:571:LYS:HB3	1:A:628:GLU:HB2	1.91	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:132:LEU:HD12	1:A:282:ASN:HD22	1.74	0.52
1:A:702:LEU:O	1:A:706:TYR:HD2	1.92	0.52
1:A:557:GLU:O	1:A:559:LYS:NZ	2.33	0.52
1:A:529:ASN:HB3	1:A:604:GLU:HB2	1.90	0.52
1:A:688:LEU:O	1:A:692:ASN:CB	2.58	0.52
1:A:23:ILE:HD13	1:A:734:ALA:HB2	1.92	0.52
1:A:152:ILE:CG1	1:A:153:GLU:N	2.73	0.51
1:A:389:SER:O	1:A:392:ILE:CG1	2.57	0.51
1:A:361:ARG:C	1:A:363:ASN:N	2.61	0.51
1:A:224:LEU:CA	1:A:225:LEU:HD23	2.37	0.51
1:A:330:LEU:O	1:A:334:GLN:HB2	2.11	0.51
1:A:457:GLU:O	1:A:461:THR:OG1	2.18	0.51
1:A:178:ASN:CB	1:A:209:LEU:CD1	2.87	0.51
1:A:563:TYR:HD2	1:A:564:MET:H	1.58	0.51
1:A:206:LYS:HB3	1:A:209:LEU:CG	2.37	0.51
1:A:178:ASN:CG	1:A:209:LEU:CB	2.77	0.51
1:A:366:PHE:HE2	1:A:434:GLU:HG3	1.76	0.51
1:A:169:CYS:O	1:A:199:ARG:HD2	2.10	0.51
1:A:217:ARG:HA	1:A:220:LEU:CD1	2.40	0.51
1:A:256:ARG:NH2	1:A:275:PRO:HB2	2.25	0.51
1:A:49:GLU:HB3	1:A:246:LYS:NZ	2.25	0.51
1:A:206:LYS:HD3	1:A:209:LEU:CD1	2.22	0.51
1:A:412:ILE:HG21	1:A:666:VAL:HG22	1.92	0.51
1:A:359:GLY:CA	1:A:362:ILE:HG22	2.39	0.50
1:A:151:ASP:OD1	1:A:155:GLN:CD	2.49	0.50
1:A:544:VAL:HG21	1:A:558:GLU:OE2	2.12	0.50
1:A:164:VAL:HG12	1:A:171:ILE:HG12	1.92	0.50
1:A:65:THR:O	1:A:66:ARG:HD2	2.12	0.50
1:A:29:LEU:HB3	1:A:31:LEU:CD1	2.42	0.50
1:A:483:LEU:H	1:A:483:LEU:HD12	1.77	0.50
1:A:77:THR:HA	1:A:127:PRO:HB3	1.92	0.50
1:A:367:HIS:CD2	1:A:682:PRO:HB3	2.46	0.50
1:A:152:ILE:HG13	1:A:153:GLU:N	2.26	0.50
1:A:38:GLY:HA3	1:A:44:LYS:HD3	1.94	0.50
1:A:220:LEU:C	1:A:222:ASN:N	2.65	0.49
1:A:215:ASP:OD1	1:A:265:TYR:OH	2.22	0.49
1:A:369:ARG:C	1:A:371:PRO:HD2	2.32	0.49
1:A:333:VAL:HG12	1:A:702:LEU:CD2	2.31	0.49
1:A:345:GLU:CA	1:A:345:GLU:OE2	2.56	0.49
1:A:232:ILE:HD11	1:A:280:VAL:HG11	1.92	0.49
1:A:49:GLU:HB3	1:A:246:LYS:HZ1	1.77	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:361:ARG:O	1:A:362:ILE:C	2.48	0.49
1:A:377:MET:HB2	1:A:423:PRO:CG	2.40	0.49
1:A:237:ARG:HG2	1:A:239:GLN:HB3	1.94	0.49
1:A:44:LYS:HE2	1:A:137:LEU:O	2.12	0.49
1:A:340:PHE:O	1:A:341:GLU:C	2.49	0.49
1:A:449:TYR:HD1	1:A:716:GLU:N	2.10	0.49
1:A:717:GLU:CA	1:A:718:SER:HB2	2.25	0.49
1:A:91:PHE:CD2	1:A:96:GLU:CB	2.96	0.49
1:A:371:PRO:O	1:A:375:VAL:HG23	2.13	0.49
1:A:173:ALA:CB	1:A:187:LEU:HD23	2.43	0.49
1:A:595:ASN:HD22	1:A:599:ASP:HA	1.77	0.49
1:A:210:MET:SD	1:A:214:THR:HG22	2.53	0.49
1:A:237:ARG:HG3	1:A:239:GLN:H	1.77	0.49
1:A:572:LEU:HD21	1:A:617:LYS:HG2	1.95	0.49
1:A:151:ASP:O	1:A:155:GLN:OE1	2.30	0.49
1:A:42:ALA:HB1	1:A:44:LYS:H	1.76	0.49
1:A:206:LYS:HB3	1:A:209:LEU:CD1	2.43	0.49
1:A:215:ASP:OD1	1:A:216:ALA:N	2.46	0.49
1:A:152:ILE:HG13	1:A:153:GLU:H	1.77	0.48
1:A:35:ALA:HB3	1:A:171:ILE:HG13	1.94	0.48
1:A:552:TRP:O	1:A:562:GLU:HB2	2.13	0.48
1:A:408:ALA:O	1:A:412:ILE:HG12	2.13	0.48
1:A:262:HIS:HB3	1:A:265:TYR:HB2	1.95	0.48
1:A:184:SER:N	1:A:188:LYS:HD3	2.28	0.48
1:A:98:ARG:HD3	1:A:99:LEU:HD23	1.94	0.48
1:A:410:GLU:CG	1:A:414:LYS:CD	2.92	0.48
1:A:151:ASP:O	1:A:155:GLN:CG	2.59	0.48
1:A:490:HIS:CG	1:A:491:GLU:N	2.82	0.48
1:A:688:LEU:O	1:A:689:MET:C	2.51	0.48
1:A:693:THR:O	1:A:697:ILE:HG22	2.14	0.48
1:A:314:TYR:CE2	1:A:316:ASN:O	2.67	0.48
1:A:73:LEU:HD23	1:A:124:VAL:CG1	2.43	0.48
1:A:455:GLU:CD	1:A:705:LEU:CD1	2.82	0.48
1:A:338:VAL:O	1:A:342:LYS:CB	2.60	0.48
1:A:19:ALA:O	1:A:22:ALA:HB3	2.13	0.48
1:A:95:GLU:O	1:A:99:LEU:HG	2.13	0.48
1:A:716:GLU:HG3	1:A:717:GLU:O	2.14	0.48
1:A:725:ARG:HA	1:A:728:MET:HB2	1.96	0.47
1:A:91:PHE:CD2	1:A:96:GLU:HB2	2.49	0.47
1:A:42:ALA:HB1	1:A:43:GLY:C	2.33	0.47
1:A:57:LEU:HB3	1:A:58:PRO:HD2	1.96	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:380:ASP:N	1:A:380:ASP:OD2	2.47	0.47
1:A:717:GLU:HB3	1:A:718:SER:C	2.35	0.47
1:A:735:LEU:O	1:A:738:ALA:HB3	2.15	0.47
1:A:452:LEU:O	1:A:452:LEU:HD13	2.14	0.47
1:A:86:CYS:O	1:A:87:LYS:HB3	2.12	0.47
1:A:478:LEU:O	1:A:481:ILE:HB	2.14	0.47
1:A:724:ARG:HG2	1:A:728:MET:CG	2.45	0.47
1:A:300:LEU:CD2	1:A:735:LEU:HD22	2.44	0.47
1:A:35:ALA:HB2	1:A:169:CYS:HG	1.80	0.47
1:A:314:TYR:HD2	1:A:317:PHE:HA	1.76	0.47
1:A:38:GLY:O	1:A:140:MET:N	2.40	0.46
1:A:546:THR:HG23	1:A:549:ASN:O	2.16	0.46
1:A:545:LEU:HA	1:A:550:LEU:HA	1.96	0.46
1:A:389:SER:C	1:A:392:ILE:HG12	2.35	0.46
1:A:272:MET:HA	1:A:272:MET:CE	2.46	0.46
1:A:29:LEU:HB3	1:A:31:LEU:HD11	1.97	0.46
1:A:67:ARG:NH2	1:A:118:VAL:HG12	2.30	0.46
1:A:328:ALA:O	1:A:332:MET:CB	2.63	0.46
1:A:526:LEU:HB3	1:A:605:LEU:HD23	1.98	0.46
1:A:13:VAL:O	1:A:17:GLN:HG3	2.15	0.46
1:A:256:ARG:O	1:A:260:LEU:HB2	2.16	0.46
1:A:343:ARG:HG2	1:A:438:THR:HG23	1.98	0.46
1:A:164:VAL:CG2	1:A:193:VAL:CG2	2.90	0.46
1:A:610:GLN:HG3	1:A:614:ASP:OD2	2.16	0.46
1:A:156:ILE:HG22	1:A:157:ARG:N	2.30	0.46
1:A:672:ILE:HG13	1:A:673:VAL:N	2.31	0.46
1:A:20:PHE:CZ	1:A:29:LEU:HD11	2.51	0.46
1:A:379:PHE:CE2	1:A:384:LEU:HA	2.51	0.45
1:A:412:ILE:HG21	1:A:666:VAL:HG21	1.97	0.45
1:A:68:PRO:HA	1:A:137:LEU:HD23	1.98	0.45
1:A:69:LEU:HD11	1:A:122:LEU:CD2	2.47	0.45
1:A:218:ASP:O	1:A:222:ASN:N	2.49	0.45
1:A:13:VAL:HG21	1:A:32:PRO:O	2.16	0.45
1:A:183:ASN:HA	1:A:188:LYS:HD2	1.97	0.45
1:A:567:VAL:HA	1:A:570:LEU:HD22	1.99	0.45
1:A:173:ALA:HB1	1:A:186:ALA:HB1	1.98	0.45
1:A:20:PHE:CE2	1:A:29:LEU:CD2	3.00	0.45
1:A:366:PHE:CE2	1:A:434:GLU:HG3	2.50	0.45
1:A:58:PRO:HG3	1:A:66:ARG:HD3	1.97	0.45
1:A:69:LEU:HD11	1:A:122:LEU:HG	1.97	0.45
1:A:271:ARG:O	1:A:272:MET:HE2	2.17	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:25:GLN:NE2	1:A:731:MET:CE	2.79	0.45
1:A:558:GLU:O	1:A:559:LYS:HD2	2.15	0.45
1:A:381:GLU:HG2	1:A:382:LYS:N	2.32	0.45
1:A:664:ASN:HA	1:A:664:ASN:HD22	1.61	0.45
1:A:687:HIS:HD2	1:A:688:LEU:HD21	1.81	0.45
1:A:528:ILE:HG23	1:A:529:ASN:N	2.32	0.45
1:A:21:SER:CB	1:A:121:ASN:HD22	2.30	0.45
1:A:345:GLU:OE2	1:A:360:ALA:HB1	2.17	0.45
1:A:417:VAL:HA	1:A:420:ILE:HG12	1.97	0.45
1:A:178:ASN:CB	1:A:209:LEU:HD12	2.41	0.44
1:A:91:PHE:CE2	1:A:96:GLU:CB	2.95	0.44
1:A:30:ASP:C	1:A:168:ASN:HD21	2.20	0.44
1:A:526:LEU:HD23	1:A:606:ALA:O	2.16	0.44
1:A:67:ARG:NH2	1:A:118:VAL:HB	2.31	0.44
1:A:697:ILE:HD13	1:A:697:ILE:O	2.18	0.44
1:A:459:ILE:HD13	1:A:705:LEU:HD22	2.00	0.44
1:A:30:ASP:O	1:A:296:LEU:CD1	2.61	0.44
1:A:688:LEU:O	1:A:692:ASN:HB3	2.16	0.44
1:A:687:HIS:C	1:A:688:LEU:HD23	2.38	0.44
1:A:406:ASP:OD1	1:A:407:MET:N	2.50	0.44
1:A:576:GLU:CG	1:A:577:LYS:H	2.25	0.44
1:A:274:THR:HB	1:A:275:PRO:HD3	2.00	0.44
1:A:166:LYS:HD3	1:A:166:LYS:HA	1.69	0.44
1:A:662:ILE:HA	1:A:665:LEU:HD12	2.00	0.44
1:A:467:ARG:O	1:A:471:THR:HG23	2.18	0.44
1:A:522:ARG:HH22	1:A:615:SER:CB	2.29	0.44
1:A:46:SER:HB2	1:A:236:ASN:ND2	2.33	0.44
1:A:629:ARG:HD2	1:A:629:ARG:HA	1.80	0.44
1:A:62:GLY:C	1:A:66:ARG:NH1	2.71	0.44
1:A:178:ASN:ND2	1:A:209:LEU:HD13	2.32	0.44
1:A:218:ASP:N	1:A:218:ASP:OD1	2.50	0.44
1:A:684:THR:HG22	1:A:685:ILE:N	2.33	0.44
1:A:571:LYS:HB2	1:A:589:PHE:CE2	2.53	0.44
1:A:569:ASN:O	1:A:590:ASN:HA	2.17	0.44
1:A:140:MET:HG3	1:A:153:GLU:OE2	2.18	0.43
1:A:329:LEU:HD23	1:A:706:TYR:CE1	2.53	0.43
1:A:553:TYR:N	1:A:553:TYR:CD1	2.86	0.43
1:A:627:PRO:O	1:A:627:PRO:CD	2.65	0.43
1:A:362:ILE:CG2	1:A:363:ASN:N	2.81	0.43
1:A:597:TYR:CE2	1:A:603:LEU:HG	2.53	0.43
1:A:380:ASP:CG	1:A:629:ARG:HE	2.21	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:420:ILE:C	1:A:423:PRO:HD2	2.38	0.43
1:A:86:CYS:SG	1:A:87:LYS:N	2.91	0.43
1:A:27:ALA:HB3	1:A:162:GLN:HE21	1.81	0.43
1:A:29:LEU:HA	1:A:29:LEU:HD22	1.79	0.43
1:A:262:HIS:O	1:A:266:ARG:HB2	2.18	0.43
1:A:132:LEU:HD11	1:A:282:ASN:CA	2.49	0.43
1:A:717:GLU:HA	1:A:718:SER:CB	2.18	0.43
1:A:271:ARG:O	1:A:272:MET:CE	2.66	0.43
1:A:717:GLU:HB3	1:A:719:ALA:N	2.34	0.43
1:A:340:PHE:C	1:A:342:LYS:N	2.69	0.43
1:A:80:TYR:HB2	1:A:91:PHE:O	2.19	0.43
1:A:463:HIS:NE2	1:A:692:ASN:ND2	2.66	0.43
1:A:603:LEU:HD22	1:A:605:LEU:HD11	2.01	0.43
1:A:676:THR:HG22	1:A:680:LEU:HD22	2.01	0.43
1:A:164:VAL:CG2	1:A:193:VAL:CG1	2.87	0.43
1:A:222:ASN:HA	1:A:231:TYR:CD2	2.54	0.43
1:A:590:ASN:H	1:A:596:VAL:HG22	1.84	0.43
1:A:482:GLU:C	1:A:484:ALA:H	2.22	0.43
1:A:551:SER:CB	1:A:561:LYS:HE3	2.49	0.43
1:A:214:THR:O	1:A:214:THR:HG22	2.19	0.42
1:A:71:LEU:HB3	1:A:134:LEU:O	2.18	0.42
1:A:224:LEU:O	1:A:224:LEU:HG	2.18	0.42
1:A:654:GLN:O	1:A:654:GLN:HG2	2.19	0.42
1:A:598:LYS:HB3	1:A:599:ASP:H	1.61	0.42
1:A:164:VAL:HG21	1:A:193:VAL:CG2	2.46	0.42
1:A:341:GLU:HA	1:A:344:ILE:HD12	2.01	0.42
1:A:374:LEU:CD1	1:A:420:ILE:HG23	2.50	0.42
1:A:557:GLU:C	1:A:559:LYS:HD3	2.40	0.42
1:A:589:PHE:HA	1:A:596:VAL:HG21	1.99	0.42
1:A:594:ARG:HG3	1:A:595:ASN:OD1	2.19	0.42
1:A:436:ILE:O	1:A:439:VAL:HG22	2.19	0.42
1:A:82:GLU:HB3	1:A:90:LYS:HA	2.01	0.42
1:A:467:ARG:HD2	1:A:692:ASN:OD1	2.19	0.42
1:A:559:LYS:CD	1:A:559:LYS:N	2.83	0.42
1:A:52:VAL:CB	1:A:129:VAL:CG1	2.98	0.42
1:A:738:ALA:O	1:A:742:ILE:HG13	2.20	0.42
1:A:151:ASP:O	1:A:155:GLN:CD	2.57	0.42
1:A:52:VAL:CB	1:A:129:VAL:HG12	2.50	0.42
1:A:717:GLU:HG2	1:A:722:ALA:HB2	2.02	0.42
1:A:473:GLU:O	1:A:477:LEU:HG	2.19	0.42
1:A:210:MET:HB3	1:A:214:THR:CG2	2.50	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:200:THR:CG2	1:A:227:LEU:HD13	2.45	0.42
1:A:343:ARG:NH2	1:A:358:GLY:HA2	2.35	0.42
1:A:720:GLU:HG3	1:A:720:GLU:H	1.59	0.42
1:A:328:ALA:HA	1:A:332:MET:HG3	2.01	0.41
1:A:559:LYS:N	1:A:559:LYS:HD2	2.34	0.41
1:A:526:LEU:HD13	1:A:605:LEU:CD2	2.50	0.41
1:A:563:TYR:CE1	1:A:597:TYR:HB2	2.55	0.41
1:A:200:THR:O	1:A:229:ARG:HB2	2.20	0.41
1:A:550:LEU:HD23	1:A:550:LEU:C	2.41	0.41
1:A:437:SER:HA	1:A:440:ARG:HG3	2.03	0.41
1:A:670:MET:HA	1:A:673:VAL:HG12	2.03	0.41
1:A:96:GLU:HA	1:A:99:LEU:HD12	2.02	0.41
1:A:435:LEU:O	1:A:438:THR:HB	2.19	0.41
1:A:69:LEU:CD1	1:A:120:ILE:CB	2.94	0.41
1:A:69:LEU:HD11	1:A:122:LEU:HD23	2.02	0.41
1:A:409:PHE:HZ	1:A:669:TYR:CB	2.34	0.41
1:A:155:GLN:N	1:A:155:GLN:OE1	2.53	0.41
1:A:525:TRP:HA	1:A:541:TYR:O	2.20	0.41
1:A:480:ASP:HA	1:A:483:LEU:HD13	2.02	0.41
1:A:152:ILE:CD1	1:A:153:GLU:N	2.84	0.41
1:A:277:LEU:O	1:A:281:LEU:HG	2.20	0.41
1:A:471:THR:HG22	1:A:688:LEU:CB	2.47	0.41
1:A:679:ASP:C	1:A:682:PRO:HD2	2.41	0.41
1:A:481:ILE:O	1:A:484:ALA:HB3	2.20	0.41
1:A:575:VAL:CG2	1:A:585:ILE:HB	2.50	0.41
1:A:717:GLU:HB3	1:A:719:ALA:HA	2.02	0.41
1:A:388:ILE:HG21	1:A:659:VAL:CG2	2.38	0.41
1:A:384:LEU:O	1:A:388:ILE:CD1	2.67	0.41
1:A:300:LEU:HD23	1:A:735:LEU:HD22	2.02	0.41
1:A:89:LYS:CG	1:A:90:LYS:N	2.83	0.41
1:A:289:ILE:O	1:A:293:LEU:HB2	2.20	0.41
1:A:553:TYR:CD2	1:A:558:GLU:HA	2.55	0.41
1:A:109:THR:HB	1:A:114:GLY:HA3	2.02	0.41
1:A:656:GLU:O	1:A:660:GLU:HB2	2.20	0.41
1:A:62:GLY:CA	1:A:66:ARG:NH1	2.84	0.41
1:A:130:LEU:HD23	1:A:131:ASN:N	2.36	0.41
1:A:108:VAL:O	1:A:108:VAL:HG12	2.21	0.41
1:A:38:GLY:CA	1:A:44:LYS:HD3	2.50	0.40
1:A:523:LYS:HG2	1:A:544:VAL:HG13	2.02	0.40
1:A:457:GLU:O	1:A:461:THR:HG23	2.21	0.40
1:A:222:ASN:O	1:A:226:PRO:CA	2.70	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:264:SER:HA	1:A:267:HIS:HE1	1.86	0.40
1:A:151:ASP:OD1	1:A:155:GLN:NE2	2.53	0.40
1:A:590:ASN:HB3	1:A:593:GLN:O	2.21	0.40
1:A:164:VAL:HG23	1:A:165:THR:N	2.36	0.40
1:A:413:VAL:HG23	1:A:414:LYS:N	2.36	0.40
1:A:50:ASN:ND2	1:A:236:ASN:HD22	2.07	0.40
1:A:528:ILE:HG23	1:A:529:ASN:H	1.86	0.40
1:A:250:ALA:O	1:A:254:ALA:HB2	2.20	0.40
1:A:65:THR:O	1:A:65:THR:HG22	2.21	0.40
1:A:44:LYS:HZ1	1:A:65:THR:N	2.20	0.40
1:A:370:PHE:N	1:A:371:PRO:CD	2.83	0.40
1:A:87:LYS:O	1:A:87:LYS:HG2	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 X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution.

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	628/743 (84%)	557 (89%)	68 (11%)	3 (0%)	34 77

All (3) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	212	GLU
1	A	319	PRO
1	A	745	ILE

5.3.2 Protein sidechains [i](#)

In the following table, the Percentiles column shows the percent sidechain outliers of the chain as a percentile score with respect to all X-ray entries followed by that with respect to entries of similar

resolution.

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	585/659 (89%)	522 (89%)	63 (11%)	8	41

All (63) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	25	GLN
1	A	29	LEU
1	A	46	SER
1	A	55	ASP
1	A	95	GLU
1	A	98	ARG
1	A	131	ASN
1	A	132	LEU
1	A	141	THR
1	A	151	ASP
1	A	154	PHE
1	A	155	GLN
1	A	183	ASN
1	A	184	SER
1	A	221	GLU
1	A	235	VAL
1	A	252	LEU
1	A	283	GLN
1	A	284	GLN
1	A	293	LEU
1	A	300	LEU
1	A	327	LYS
1	A	329	LEU
1	A	330	LEU
1	A	339	ASP
1	A	340	PHE
1	A	345	GLU
1	A	357	SER
1	A	368	GLU
1	A	369	ARG
1	A	380	ASP
1	A	445	LYS
1	A	451	ARG
1	A	468	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	480	ASP
1	A	489	ASN
1	A	491	GLU
1	A	492	ASP
1	A	493	PHE
1	A	528	ILE
1	A	545	LEU
1	A	546	THR
1	A	549	ASN
1	A	551	SER
1	A	553	TYR
1	A	556	ASP
1	A	563	TYR
1	A	565	LEU
1	A	568	ASP
1	A	589	PHE
1	A	591	THR
1	A	601	ARG
1	A	619	SER
1	A	620	PHE
1	A	628	GLU
1	A	664	ASN
1	A	679	ASP
1	A	688	LEU
1	A	692	ASN
1	A	697	ILE
1	A	698	PHE
1	A	702	LEU
1	A	720	GLU

Some sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (16) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	17	GLN
1	A	25	GLN
1	A	85	HIS
1	A	121	ASN
1	A	162	GLN
1	A	198	GLN
1	A	236	ASN
1	A	278	GLN
1	A	282	ASN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	283	GLN
1	A	335	GLN
1	A	490	HIS
1	A	584	HIS
1	A	602	GLN
1	A	658	GLN
1	A	687	HIS

5.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

5.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

5.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

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.

6 Fit of model and data [i](#)

6.1 Protein, DNA and RNA chains [i](#)

In the following table, the column labelled ‘#RSRZ> 2’ contains the number (and percentage) of RSRZ outliers, followed by percent RSRZ outliers for the chain as percentile scores relative to all X-ray entries and entries of similar resolution. The OWAB column contains the minimum, median, 95th percentile and maximum values of the occupancy-weighted average B-factor per residue. The column labelled ‘Q< 0.9’ lists the number of (and percentage) of residues with an average occupancy less than 0.9.

Mol	Chain	Analysed	<RSRZ>	#RSRZ>2	OWAB(Å ²)	Q<0.9
1	A	652/743 (87%)	-0.16	5 (0%) 87 77	81, 167, 267, 398	0

All (5) RSRZ outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	RSRZ
1	A	387	GLU	3.9
1	A	316	ASN	3.1
1	A	65	THR	2.4
1	A	245	LYS	2.2
1	A	725	ARG	2.2

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

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

6.3 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

6.4 Ligands [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.5 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.