



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Apr 26, 2016 – 05:09 PM BST

PDB ID : 1TWO  
Title : NMR structure of the pheromone binding protein from *Antheraea polyphemus* at acidic pH  
Authors : Mohanty, S.; Zubkov, S.  
Deposited on : 2004-07-01

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

---

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

Cyrange : Kirchner and Güntert (2011)  
NmrClust : Kelley et al. (1996)  
MolProbity : 4.02b-467  
Mogul : unknown  
Percentile statistics : 20151230.v01 (using entries in the PDB archive December 30th 2015)  
RCI : v\_1n\_11\_5\_13\_A (Berjanski et al., 2005)  
PANAV : Wang et al. (2010)  
ShiftChecker : rb-20027457  
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)  
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)  
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : rb-20027457

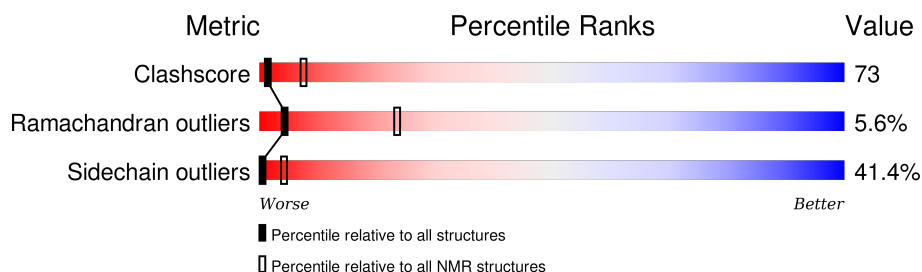
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

*SOLUTION NMR*

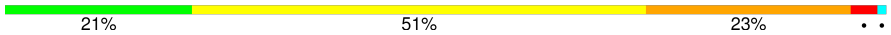
The overall completeness of chemical shifts assignment was not calculated.

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



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

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

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	142	

## 2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 20 models. Model 6 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *fewest violations*.

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:3-A:127 (125)	0.41	6
2	A:128-A:142 (15)	0.76	9

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 and 1 single-model cluster was found.

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

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

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2167 atoms, of which 1070 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Pheromone-binding protein.

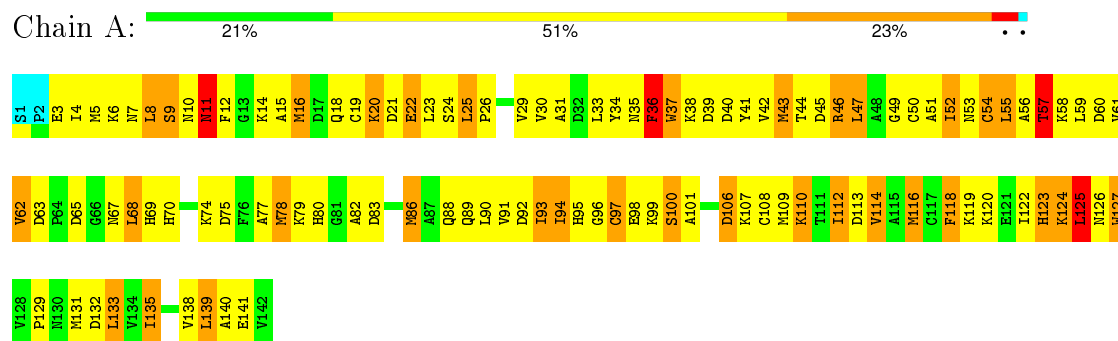
Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	142	Total	C	H	N	O	S	0
			2167	686	1070	183	214	14	

## 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: Pheromone-binding protein

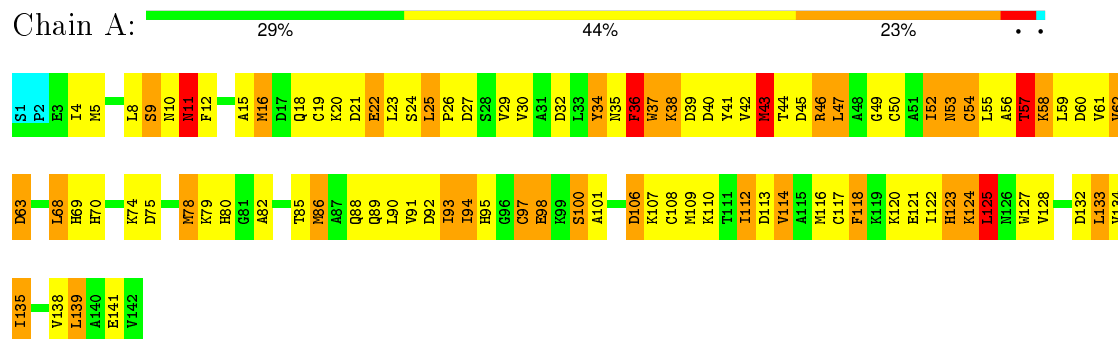


### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

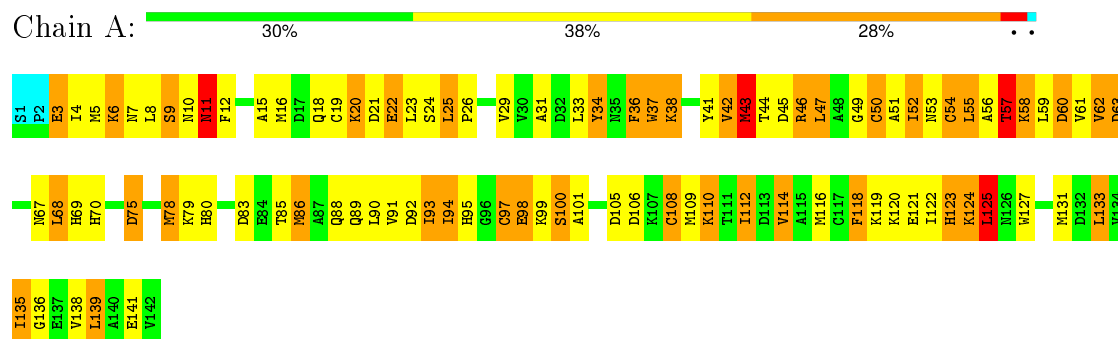
#### 4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



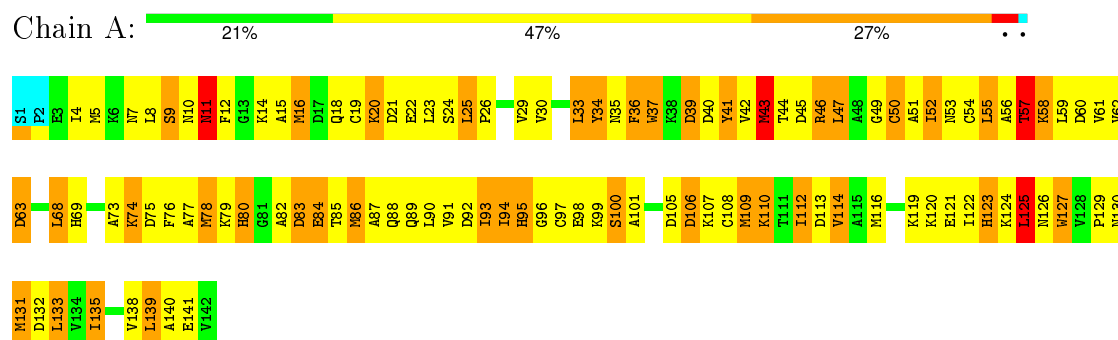
### 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



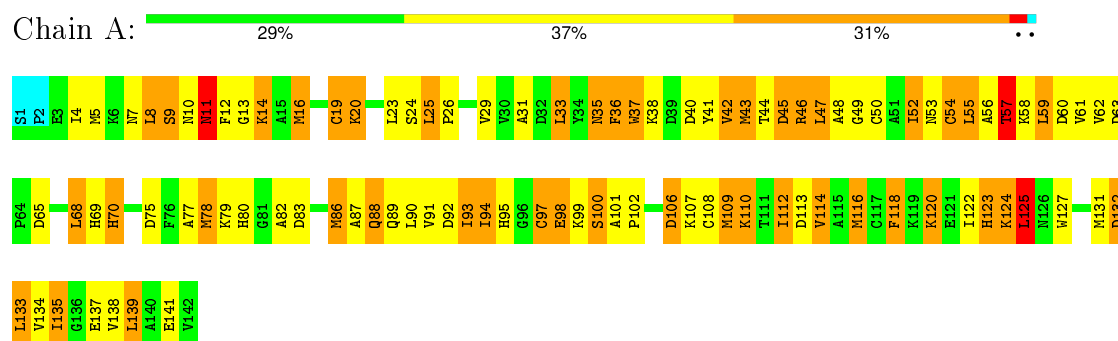
### 4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



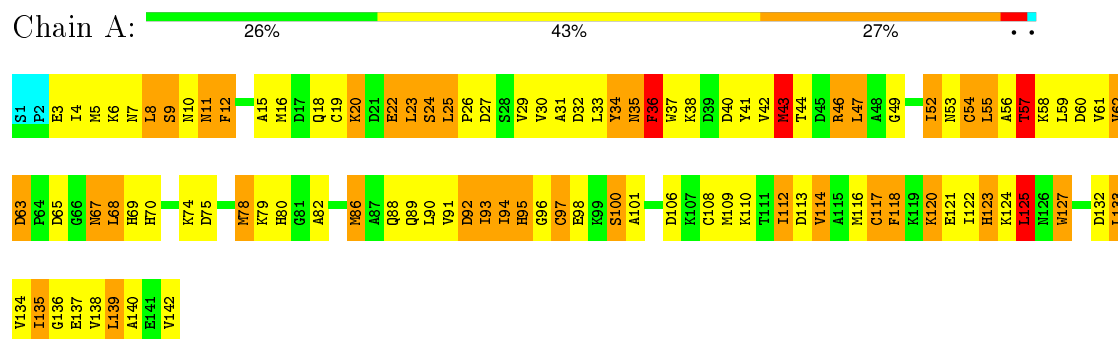
### 4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



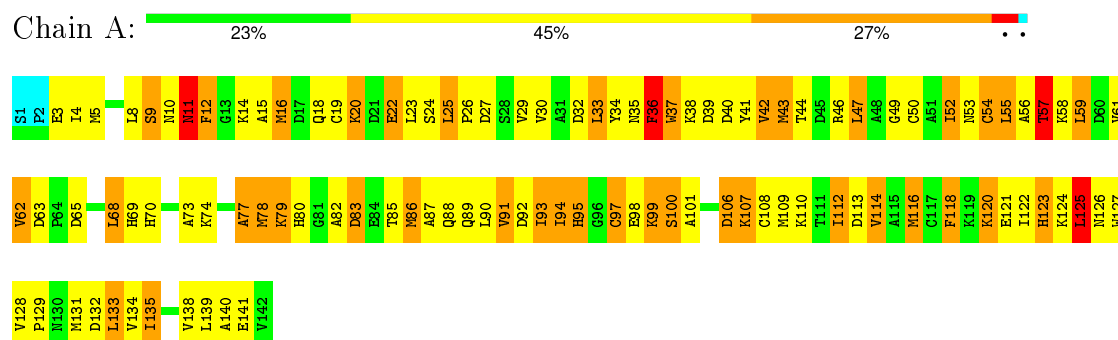
### 4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



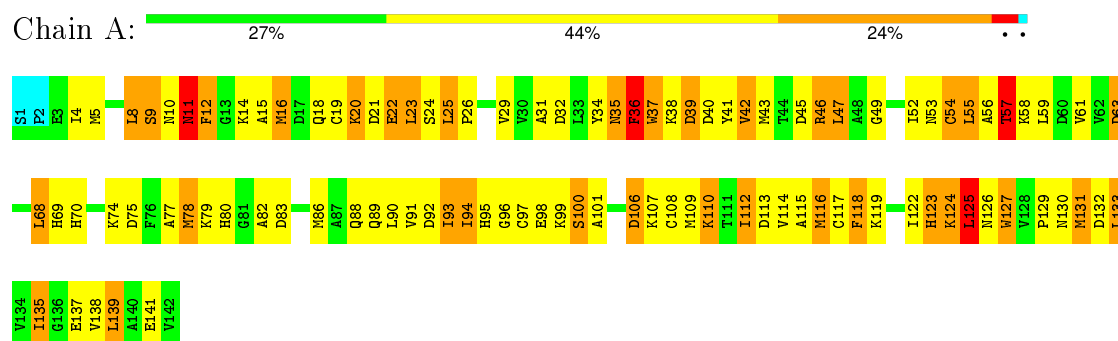
### 4.2.6 Score per residue for model 6 (medoid)

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



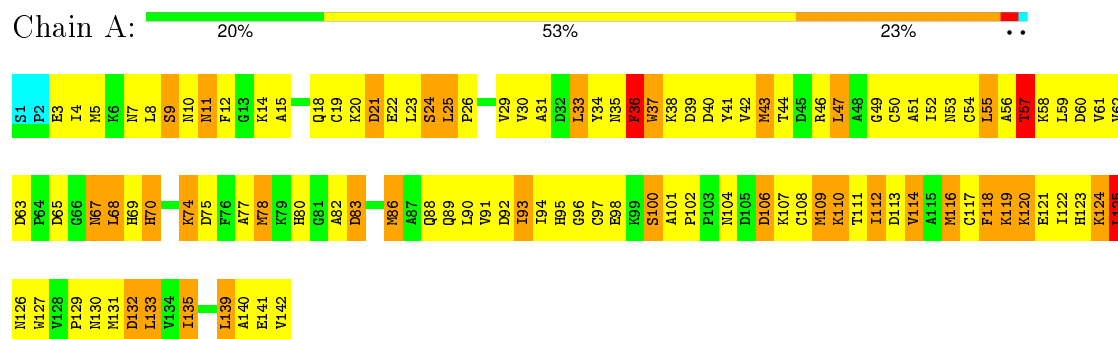
### 4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



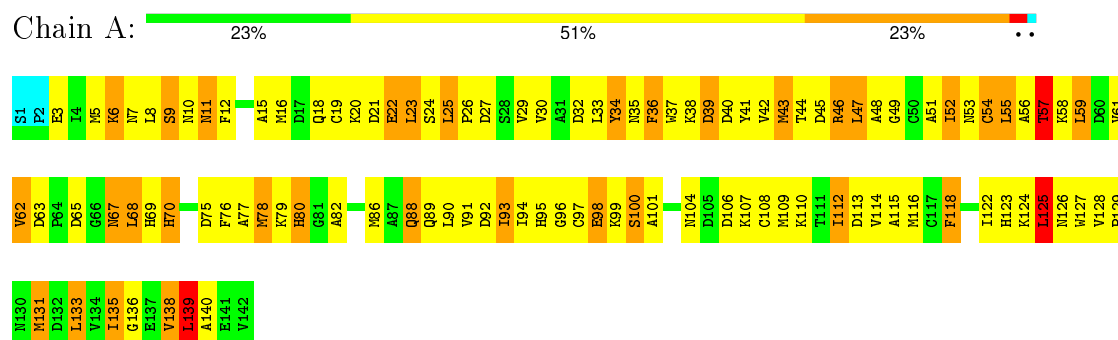
### 4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



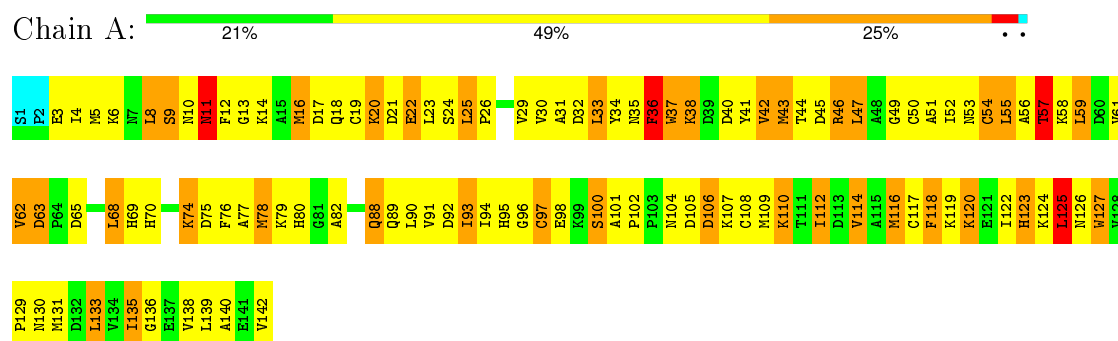
### 4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



### 4.2.10 Score per residue for model 10

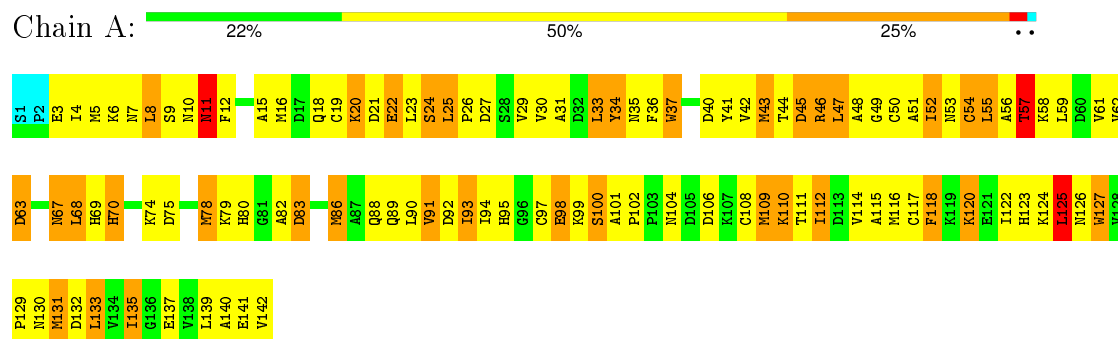
- Molecule 1: Pheromone-binding protein





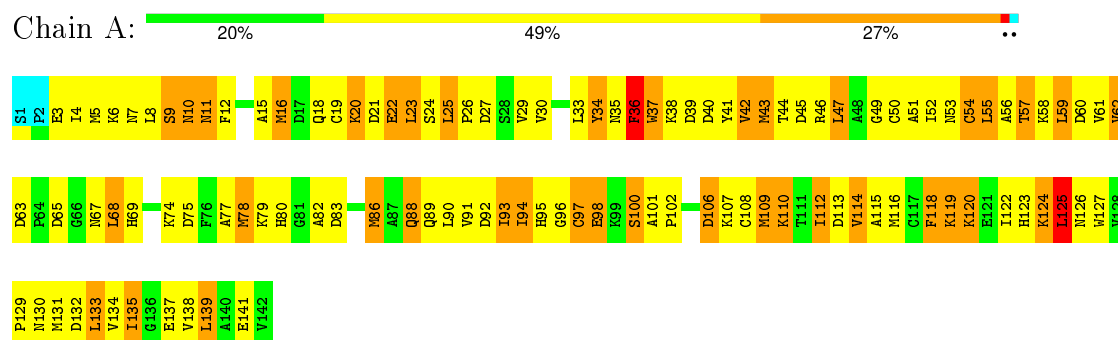
### 4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



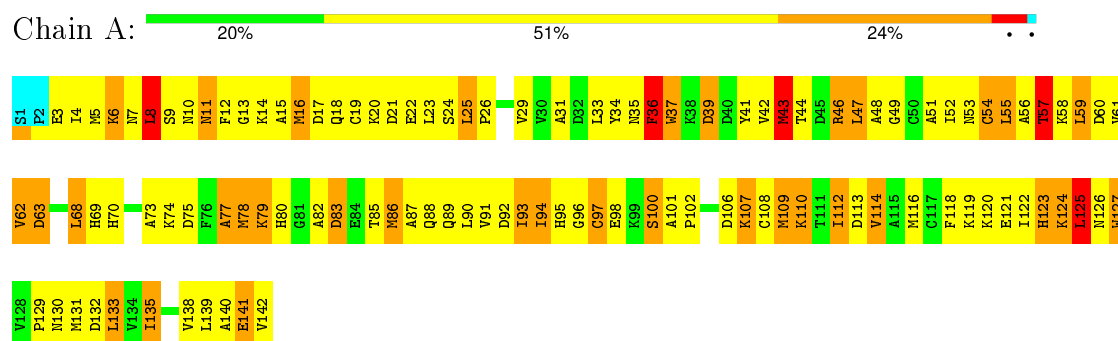
### 4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



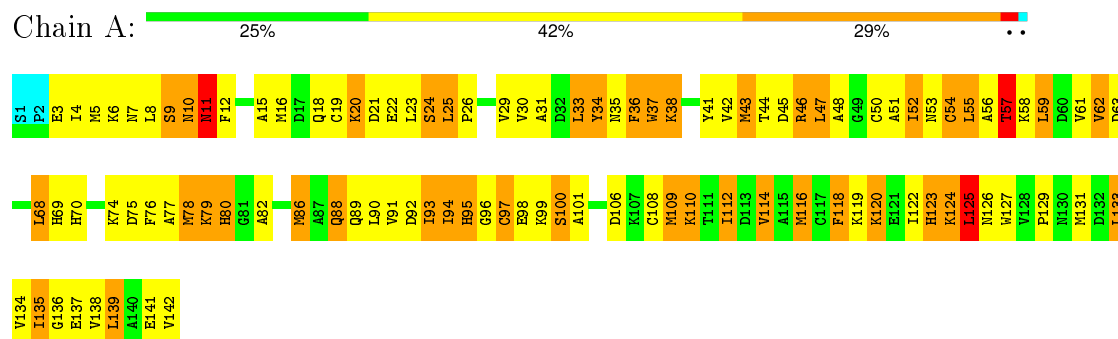
### 4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



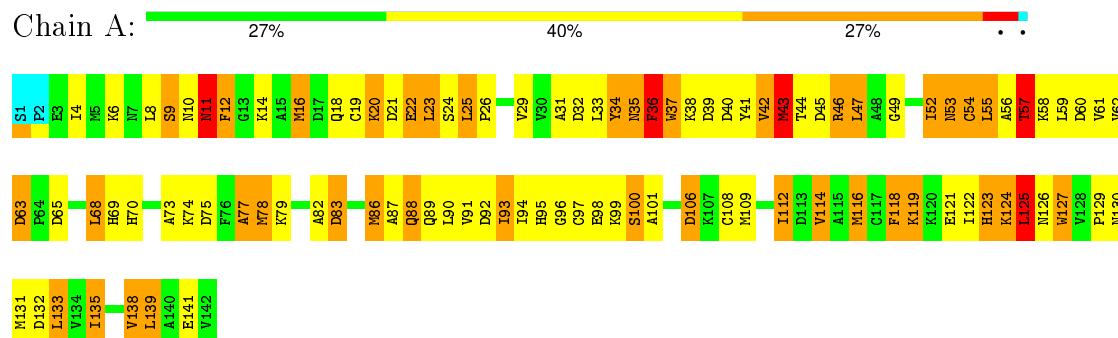
## 4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



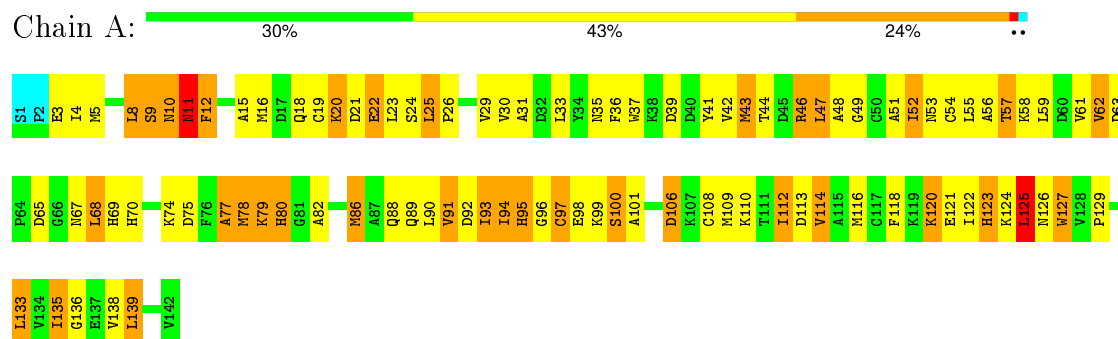
## 4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



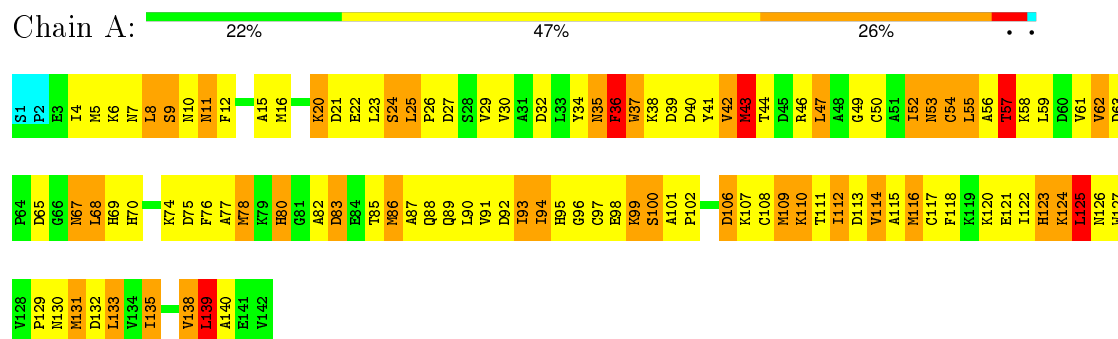
## 4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



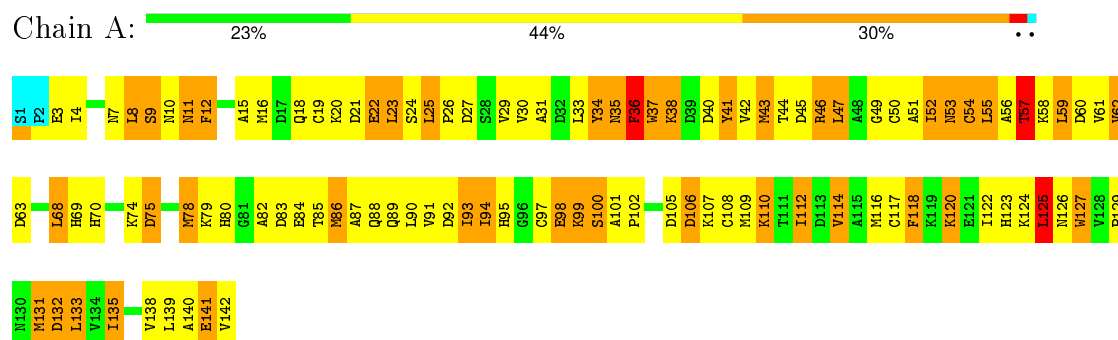
#### 4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



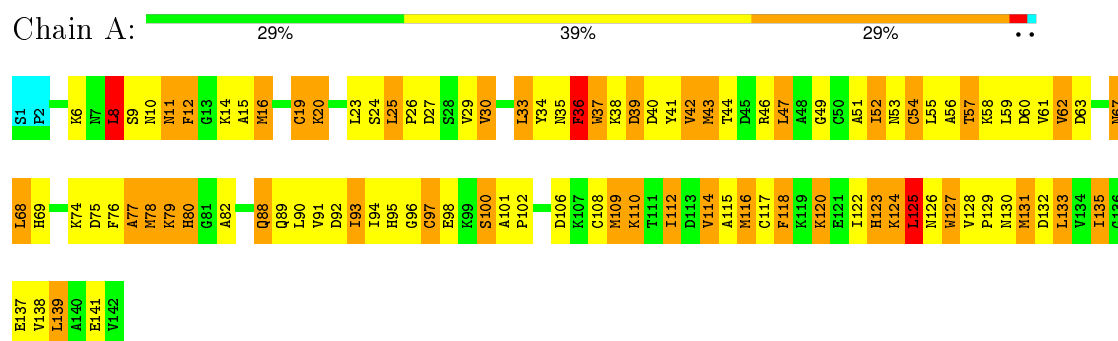
#### 4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



#### 4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: Pheromone-binding protein



4.2.20 Score per residue for model 20

● Molecule 1: Pheromone-binding protein



## 5 Refinement protocol and experimental data overview ⓘ

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

Of the 500 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *target function*.

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

Software name	Classification	Version
CYANA	structure solution	1.0.6
CYANA	refinement	1.0.6

No chemical shift data was provided. 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	1084	1058	1053	156±11
All	All	21680	21160	21060	3119

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 73.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:90:LEU:HD21	1:A:118:PHE:CE1	1.07	1.83	9	13
1:A:12:PHE:CE1	1:A:55:LEU:HD21	1.03	1.88	20	5
1:A:12:PHE:CD2	1:A:55:LEU:HD11	1.03	1.88	10	4
1:A:33:LEU:HD13	1:A:37:TRP:CZ3	1.03	1.88	20	3
1:A:58:LYS:O	1:A:61:VAL:HG22	1.00	1.54	5	20
1:A:134:VAL:HG13	1:A:135:ILE:HD13	0.99	1.34	20	1
1:A:68:LEU:HD13	1:A:68:LEU:C	0.95	1.82	8	12
1:A:68:LEU:C	1:A:68:LEU:HD13	0.95	1.82	16	8
1:A:12:PHE:CZ	1:A:55:LEU:HD21	0.93	1.98	10	3
1:A:54:CYS:O	1:A:57:THR:HG23	0.90	1.66	19	3
1:A:125:LEU:HD11	1:A:127:TRP:CE2	0.89	2.02	9	8
1:A:26:PRO:O	1:A:29:VAL:HG22	0.88	1.69	19	20
1:A:125:LEU:HD11	1:A:127:TRP:CD2	0.86	2.06	6	16
1:A:12:PHE:CD1	1:A:55:LEU:HD11	0.85	2.06	1	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:82:ALA:HB1	1:A:86:MET:HG2	0.85	1.47	8	9
1:A:68:LEU:HD22	1:A:69:HIS:N	0.83	1.86	14	2
1:A:90:LEU:HD21	1:A:118:PHE:CD1	0.83	2.08	14	13
1:A:133:LEU:HD22	1:A:133:LEU:O	0.83	1.74	7	6
1:A:56:ALA:O	1:A:59:LEU:HD23	0.82	1.74	2	6
1:A:12:PHE:CE2	1:A:55:LEU:HD21	0.82	2.09	4	2
1:A:133:LEU:O	1:A:133:LEU:HD22	0.81	1.73	8	10
1:A:33:LEU:HD21	1:A:48:ALA:HB1	0.81	1.52	16	1
1:A:4:ILE:HG23	1:A:31:ALA:HB1	0.80	1.52	8	2
1:A:8:LEU:HD22	1:A:11:ASN:HB3	0.80	1.54	9	3
1:A:8:LEU:HD22	1:A:9:SER:N	0.80	1.91	10	1
1:A:12:PHE:CE1	1:A:34:TYR:CE1	0.79	2.69	1	1
1:A:86:MET:SD	1:A:90:LEU:HD22	0.79	2.18	2	8
1:A:118:PHE:CE1	1:A:122:ILE:HD11	0.79	2.13	9	2
1:A:134:VAL:HG13	1:A:135:ILE:CD1	0.78	2.09	20	1
1:A:8:LEU:HD12	1:A:11:ASN:HB3	0.78	1.56	17	2
1:A:8:LEU:HD12	1:A:11:ASN:OD1	0.78	1.79	20	2
1:A:46:ARG:HG3	1:A:47:LEU:HD13	0.77	1.54	14	1
1:A:55:LEU:HD13	1:A:55:LEU:O	0.77	1.80	12	6
1:A:8:LEU:HD12	1:A:11:ASN:CG	0.77	1.98	20	1
1:A:133:LEU:O	1:A:133:LEU:HD13	0.77	1.80	17	8
1:A:15:ALA:HB3	1:A:55:LEU:HD22	0.76	1.56	16	9
1:A:55:LEU:O	1:A:55:LEU:HD13	0.76	1.79	16	4
1:A:33:LEU:O	1:A:33:LEU:HD22	0.76	1.80	4	3
1:A:41:TYR:CZ	1:A:42:VAL:HG22	0.76	2.16	20	2
1:A:41:TYR:CE1	1:A:42:VAL:HG22	0.76	2.16	14	3
1:A:133:LEU:HD13	1:A:133:LEU:O	0.76	1.81	3	8
1:A:42:VAL:HG23	1:A:46:ARG:HA	0.75	1.58	7	1
1:A:68:LEU:CD1	1:A:68:LEU:C	0.75	2.55	15	9
1:A:68:LEU:C	1:A:68:LEU:CD1	0.75	2.55	6	11
1:A:42:VAL:HG11	1:A:109:MET:HE1	0.75	1.58	3	1
1:A:12:PHE:CZ	1:A:34:TYR:CE1	0.74	2.76	1	2
1:A:82:ALA:HB1	1:A:86:MET:CG	0.73	2.13	4	15
1:A:125:LEU:N	1:A:125:LEU:HD12	0.73	1.98	8	9
1:A:42:VAL:HG11	1:A:109:MET:CE	0.73	2.14	3	1
1:A:42:VAL:HG13	1:A:46:ARG:HB2	0.73	1.60	11	4
1:A:125:LEU:HD12	1:A:125:LEU:N	0.72	1.99	14	11
1:A:8:LEU:HD12	1:A:9:SER:N	0.72	1.99	15	1
1:A:111:THR:O	1:A:115:ALA:N	0.72	2.23	11	1
1:A:12:PHE:CD2	1:A:16:MET:CE	0.72	2.73	7	3
1:A:42:VAL:HG13	1:A:46:ARG:CB	0.72	2.15	13	6

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:LEU:HD13	1:A:9:SER:N	0.71	2.00	5	4
1:A:75:ASP:HA	1:A:78:MET:HE1	0.71	1.62	3	2
1:A:8:LEU:HD11	1:A:12:PHE:HB2	0.71	1.62	19	4
1:A:15:ALA:CB	1:A:55:LEU:HD22	0.71	2.16	12	9
1:A:122:ILE:N	1:A:122:ILE:HD12	0.71	2.01	17	1
1:A:42:VAL:HG22	1:A:46:ARG:HA	0.70	1.61	5	9
1:A:42:VAL:HG13	1:A:46:ARG:HB3	0.70	1.62	5	3
1:A:33:LEU:C	1:A:33:LEU:HD22	0.70	2.05	4	4
1:A:132:ASP:HB3	1:A:140:ALA:HB1	0.70	1.62	17	1
1:A:33:LEU:HD22	1:A:37:TRP:CD2	0.70	2.21	16	1
1:A:11:ASN:ND2	1:A:61:VAL:HG23	0.70	2.01	5	1
1:A:122:ILE:N	1:A:122:ILE:HD13	0.69	2.00	11	10
1:A:37:TRP:CZ2	1:A:48:ALA:CB	0.69	2.74	9	1
1:A:122:ILE:HD13	1:A:122:ILE:N	0.69	2.02	7	9
1:A:42:VAL:HG13	1:A:46:ARG:CA	0.69	2.17	13	5
1:A:88:GLN:NE2	1:A:88:GLN:C	0.69	2.45	12	2
1:A:33:LEU:CD2	1:A:37:TRP:CH2	0.69	2.76	18	1
1:A:42:VAL:HG13	1:A:46:ARG:HA	0.69	1.62	9	4
1:A:78:MET:HG2	1:A:78:MET:O	0.69	1.86	15	2
1:A:90:LEU:O	1:A:93:ILE:HD13	0.69	1.87	4	20
1:A:68:LEU:CB	1:A:77:ALA:HB2	0.69	2.17	16	9
1:A:33:LEU:HD22	1:A:37:TRP:CD1	0.69	2.22	16	1
1:A:132:ASP:O	1:A:134:VAL:HG23	0.69	1.88	1	2
1:A:25:LEU:C	1:A:25:LEU:HD13	0.68	2.08	17	11
1:A:90:LEU:HD11	1:A:118:PHE:CE1	0.68	2.23	17	2
1:A:112:ILE:O	1:A:112:ILE:HD13	0.68	1.89	15	12
1:A:33:LEU:HD22	1:A:37:TRP:CE2	0.68	2.24	16	1
1:A:33:LEU:HD22	1:A:37:TRP:CG	0.68	2.23	16	1
1:A:19:CYS:SG	1:A:23:LEU:HD12	0.67	2.29	4	1
1:A:11:ASN:OD1	1:A:62:VAL:HG23	0.67	1.90	1	1
1:A:54:CYS:O	1:A:57:THR:HG22	0.67	1.89	8	15
1:A:37:TRP:CE3	1:A:37:TRP:C	0.67	2.67	18	6
1:A:78:MET:O	1:A:78:MET:HG2	0.67	1.89	16	5
1:A:54:CYS:O	1:A:57:THR:N	0.67	2.25	16	20
1:A:25:LEU:O	1:A:25:LEU:HD13	0.66	1.90	17	14
1:A:8:LEU:HD13	1:A:9:SER:H	0.66	1.51	5	4
1:A:37:TRP:C	1:A:37:TRP:CE3	0.66	2.69	14	4
1:A:37:TRP:CZ2	1:A:116:MET:CE	0.66	2.79	14	1
1:A:46:ARG:HD2	1:A:47:LEU:HD13	0.66	1.68	18	5
1:A:112:ILE:HD13	1:A:112:ILE:O	0.66	1.90	14	6
1:A:8:LEU:HD22	1:A:11:ASN:HB2	0.66	1.66	11	4

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:56:ALA:O	1:A:57:THR:C	0.65	2.35	2	20
1:A:133:LEU:C	1:A:133:LEU:HD22	0.65	2.12	4	12
1:A:82:ALA:HB1	1:A:86:MET:HG3	0.65	1.69	7	3
1:A:12:PHE:CZ	1:A:55:LEU:CD2	0.65	2.80	10	1
1:A:38:LYS:O	1:A:41:TYR:CE2	0.64	2.50	10	2
1:A:133:LEU:HD22	1:A:133:LEU:C	0.64	2.12	19	6
1:A:37:TRP:CD1	1:A:40:ASP:O	0.64	2.50	9	1
1:A:16:MET:SD	1:A:55:LEU:HD23	0.64	2.33	19	1
1:A:47:LEU:HD22	1:A:47:LEU:H	0.64	1.50	18	9
1:A:68:LEU:HB3	1:A:77:ALA:HB2	0.64	1.70	8	9
1:A:90:LEU:CD2	1:A:118:PHE:CD1	0.64	2.80	9	11
1:A:8:LEU:HD11	1:A:12:PHE:H	0.64	1.52	1	1
1:A:39:ASP:CB	1:A:123:HIS:CD2	0.64	2.81	20	5
1:A:33:LEU:HD23	1:A:37:TRP:NE1	0.64	2.07	4	1
1:A:12:PHE:CZ	1:A:34:TYR:CD1	0.63	2.86	1	1
1:A:10:ASN:O	1:A:12:PHE:N	0.63	2.31	10	20
1:A:90:LEU:HD21	1:A:118:PHE:CZ	0.63	2.26	9	3
1:A:12:PHE:CE1	1:A:55:LEU:CD2	0.63	2.76	20	2
1:A:41:TYR:CD1	1:A:41:TYR:N	0.63	2.63	18	2
1:A:93:ILE:HG21	1:A:121:GLU:OE2	0.63	1.94	13	5
1:A:15:ALA:HB1	1:A:55:LEU:HA	0.62	1.70	3	7
1:A:12:PHE:CD2	1:A:16:MET:SD	0.62	2.92	19	1
1:A:133:LEU:HD23	1:A:136:GLY:HA2	0.62	1.71	5	6
1:A:33:LEU:CD2	1:A:37:TRP:CZ3	0.62	2.82	14	1
1:A:38:LYS:C	1:A:123:HIS:CD2	0.62	2.72	8	1
1:A:39:ASP:CG	1:A:123:HIS:CE1	0.62	2.73	16	2
1:A:123:HIS:CD2	1:A:123:HIS:O	0.62	2.52	20	2
1:A:8:LEU:HD11	1:A:12:PHE:N	0.62	2.09	1	2
1:A:59:LEU:HA	1:A:62:VAL:CG2	0.62	2.25	5	13
1:A:37:TRP:CE3	1:A:40:ASP:CG	0.61	2.73	6	6
1:A:125:LEU:CD1	1:A:127:TRP:CD2	0.61	2.83	12	11
1:A:128:VAL:O	1:A:128:VAL:HG13	0.61	1.96	1	3
1:A:37:TRP:CZ3	1:A:40:ASP:CG	0.61	2.73	5	5
1:A:118:PHE:CD1	1:A:118:PHE:C	0.61	2.71	7	6
1:A:82:ALA:HB1	1:A:86:MET:SD	0.61	2.36	18	6
1:A:56:ALA:HB1	1:A:59:LEU:CD1	0.61	2.25	16	10
1:A:68:LEU:O	1:A:69:HIS:CD2	0.61	2.54	19	8
1:A:47:LEU:H	1:A:47:LEU:HD22	0.61	1.53	1	11
1:A:133:LEU:CD2	1:A:133:LEU:O	0.61	2.48	7	4
1:A:38:LYS:O	1:A:41:TYR:CD2	0.61	2.53	7	4
1:A:123:HIS:O	1:A:123:HIS:CD2	0.61	2.53	7	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:12:PHE:HA	1:A:55:LEU:HD21	0.61	1.71	16	2
1:A:127:TRP:N	1:A:127:TRP:CD1	0.61	2.69	10	10
1:A:25:LEU:HD13	1:A:25:LEU:O	0.60	1.96	7	6
1:A:10:ASN:O	1:A:11:ASN:C	0.60	2.39	10	20
1:A:30:VAL:HA	1:A:33:LEU:HD13	0.60	1.72	9	1
1:A:37:TRP:CZ3	1:A:40:ASP:OD1	0.60	2.54	1	6
1:A:93:ILE:HG21	1:A:121:GLU:CD	0.60	2.16	16	2
1:A:4:ILE:HD11	1:A:35:ASN:HD21	0.60	1.55	20	1
1:A:97:CYS:O	1:A:101:ALA:N	0.60	2.35	15	20
1:A:37:TRP:CH2	1:A:48:ALA:O	0.60	2.55	4	2
1:A:122:ILE:O	1:A:125:LEU:N	0.60	2.35	5	20
1:A:54:CYS:O	1:A:57:THR:CG2	0.60	2.49	8	18
1:A:33:LEU:HD12	1:A:37:TRP:CG	0.60	2.32	3	2
1:A:41:TYR:CD1	1:A:43:MET:CB	0.60	2.84	3	1
1:A:41:TYR:CZ	1:A:42:VAL:CG2	0.60	2.84	2	2
1:A:33:LEU:HD23	1:A:37:TRP:CZ3	0.60	2.32	18	1
1:A:35:ASN:O	1:A:36:PHE:CD1	0.60	2.54	15	1
1:A:6:LYS:O	1:A:34:TYR:CE2	0.59	2.54	9	3
1:A:106:ASP:O	1:A:110:LYS:N	0.59	2.35	20	14
1:A:78:MET:HE2	1:A:79:LYS:HB2	0.59	1.73	3	1
1:A:12:PHE:CE1	1:A:55:LEU:HD11	0.59	2.32	8	3
1:A:138:VAL:O	1:A:138:VAL:HG23	0.59	1.97	19	6
1:A:120:LYS:O	1:A:123:HIS:CD2	0.59	2.54	14	3
1:A:36:PHE:O	1:A:36:PHE:CD2	0.59	2.54	4	1
1:A:102:PRO:O	1:A:110:LYS:CE	0.59	2.51	18	10
1:A:90:LEU:CG	1:A:118:PHE:CD1	0.59	2.86	9	1
1:A:68:LEU:HD22	1:A:69:HIS:H	0.59	1.57	14	1
1:A:37:TRP:CD2	1:A:37:TRP:O	0.59	2.56	11	5
1:A:90:LEU:HD11	1:A:118:PHE:CD1	0.59	2.32	15	1
1:A:91:VAL:O	1:A:95:HIS:CG	0.59	2.56	12	20
1:A:4:ILE:HD12	1:A:31:ALA:HB1	0.59	1.73	13	3
1:A:89:GLN:O	1:A:92:ASP:CB	0.59	2.50	3	20
1:A:38:LYS:HB2	1:A:123:HIS:CD2	0.59	2.33	12	1
1:A:4:ILE:HD12	1:A:31:ALA:O	0.58	1.97	8	6
1:A:38:LYS:O	1:A:41:TYR:CD1	0.58	2.56	1	2
1:A:78:MET:HE1	1:A:79:LYS:HB2	0.58	1.76	6	1
1:A:25:LEU:HD13	1:A:25:LEU:C	0.58	2.19	3	9
1:A:102:PRO:O	1:A:110:LYS:CD	0.58	2.52	17	10
1:A:83:ASP:O	1:A:86:MET:N	0.58	2.36	3	8
1:A:41:TYR:CD1	1:A:43:MET:HB2	0.58	2.33	18	2
1:A:59:LEU:HD11	1:A:70:HIS:HB2	0.58	1.75	14	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:LEU:HD23	1:A:37:TRP:CE3	0.58	2.33	14	1
1:A:138:VAL:HG23	1:A:138:VAL:O	0.58	1.98	3	8
1:A:37:TRP:CG	1:A:37:TRP:O	0.58	2.55	10	5
1:A:16:MET:HE1	1:A:55:LEU:CD1	0.58	2.29	1	1
1:A:35:ASN:O	1:A:36:PHE:CG	0.58	2.57	8	14
1:A:30:VAL:HG11	1:A:51:ALA:CB	0.58	2.29	12	6
1:A:124:LYS:O	1:A:125:LEU:O	0.58	2.22	1	20
1:A:35:ASN:C	1:A:36:PHE:CG	0.58	2.75	5	4
1:A:133:LEU:O	1:A:133:LEU:CD2	0.57	2.49	13	8
1:A:119:LYS:O	1:A:123:HIS:CD2	0.57	2.57	12	1
1:A:39:ASP:CB	1:A:123:HIS:CG	0.57	2.87	19	1
1:A:59:LEU:HD23	1:A:69:HIS:CD2	0.57	2.34	7	7
1:A:56:ALA:CB	1:A:70:HIS:CG	0.57	2.87	14	2
1:A:8:LEU:CD2	1:A:8:LEU:C	0.57	2.72	19	1
1:A:118:PHE:C	1:A:118:PHE:CD1	0.57	2.76	11	11
1:A:25:LEU:HD22	1:A:26:PRO:O	0.57	2.00	7	20
1:A:36:PHE:N	1:A:36:PHE:CD1	0.57	2.70	1	2
1:A:3:GLU:OE2	1:A:34:TYR:CE1	0.57	2.57	11	2
1:A:97:CYS:O	1:A:100:SER:N	0.57	2.38	3	20
1:A:33:LEU:HD21	1:A:48:ALA:CB	0.57	2.29	16	1
1:A:133:LEU:HD12	1:A:140:ALA:HB3	0.57	1.74	6	2
1:A:32:ASP:CG	1:A:37:TRP:CG	0.57	2.78	1	6
1:A:35:ASN:O	1:A:36:PHE:CD2	0.57	2.58	18	6
1:A:16:MET:HE2	1:A:17:ASP:N	0.57	2.14	13	2
1:A:67:ASN:OD1	1:A:68:LEU:HD12	0.57	2.00	19	2
1:A:8:LEU:HD11	1:A:12:PHE:CB	0.57	2.29	19	1
1:A:37:TRP:O	1:A:37:TRP:CG	0.57	2.57	3	5
1:A:52:ILE:O	1:A:55:LEU:CB	0.57	2.53	14	11
1:A:11:ASN:H	1:A:11:ASN:ND2	0.57	1.98	4	2
1:A:33:LEU:HD23	1:A:37:TRP:CH2	0.57	2.33	18	1
1:A:12:PHE:CD2	1:A:55:LEU:CD1	0.56	2.79	10	1
1:A:51:ALA:O	1:A:54:CYS:SG	0.56	2.63	16	4
1:A:37:TRP:C	1:A:37:TRP:CD2	0.56	2.79	12	4
1:A:112:ILE:HD11	1:A:116:MET:SD	0.56	2.40	7	5
1:A:83:ASP:O	1:A:86:MET:CG	0.56	2.54	4	1
1:A:39:ASP:HB3	1:A:123:HIS:CD2	0.56	2.35	20	3
1:A:12:PHE:CE2	1:A:34:TYR:CZ	0.56	2.94	15	1
1:A:125:LEU:CD1	1:A:127:TRP:CE2	0.56	2.85	9	2
1:A:41:TYR:CG	1:A:42:VAL:N	0.56	2.73	6	5
1:A:133:LEU:CD1	1:A:133:LEU:O	0.56	2.53	7	5
1:A:49:GLY:O	1:A:52:ILE:HG22	0.56	2.01	18	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:12:PHE:CD2	1:A:16:MET:HE1	0.56	2.35	7	2
1:A:11:ASN:ND2	1:A:12:PHE:CD2	0.56	2.74	17	1
1:A:41:TYR:CE2	1:A:42:VAL:HG22	0.56	2.36	20	2
1:A:4:ILE:HD11	1:A:35:ASN:ND2	0.56	2.14	20	1
1:A:56:ALA:O	1:A:58:LYS:N	0.56	2.39	2	19
1:A:91:VAL:O	1:A:95:HIS:CD2	0.56	2.58	14	17
1:A:37:TRP:O	1:A:37:TRP:CD2	0.56	2.59	3	5
1:A:78:MET:O	1:A:78:MET:CG	0.56	2.54	3	3
1:A:133:LEU:O	1:A:133:LEU:CD1	0.56	2.53	13	6
1:A:37:TRP:CD2	1:A:37:TRP:C	0.56	2.79	10	6
1:A:12:PHE:O	1:A:16:MET:HE3	0.56	2.00	4	1
1:A:16:MET:CE	1:A:55:LEU:CD1	0.56	2.84	1	1
1:A:12:PHE:CE2	1:A:16:MET:SD	0.55	2.99	1	1
1:A:54:CYS:O	1:A:57:THR:CB	0.55	2.54	8	17
1:A:19:CYS:HB3	1:A:23:LEU:HD12	0.55	1.77	1	1
1:A:127:TRP:CD1	1:A:127:TRP:N	0.55	2.73	20	4
1:A:82:ALA:HB1	1:A:86:MET:CB	0.55	2.32	3	2
1:A:35:ASN:N	1:A:35:ASN:ND2	0.55	2.54	20	1
1:A:38:LYS:O	1:A:41:TYR:CZ	0.55	2.58	10	1
1:A:35:ASN:O	1:A:36:PHE:CB	0.55	2.54	18	11
1:A:78:MET:SD	1:A:78:MET:N	0.55	2.80	8	3
1:A:12:PHE:CE2	1:A:55:LEU:HD11	0.55	2.36	20	1
1:A:8:LEU:CD1	1:A:9:SER:N	0.55	2.70	15	1
1:A:45:ASP:OD2	1:A:47:LEU:HD23	0.55	2.00	4	1
1:A:118:PHE:O	1:A:118:PHE:CD1	0.55	2.60	9	11
1:A:68:LEU:O	1:A:68:LEU:HD13	0.55	2.01	18	7
1:A:78:MET:N	1:A:78:MET:SD	0.55	2.80	6	4
1:A:112:ILE:O	1:A:116:MET:N	0.55	2.40	11	17
1:A:112:ILE:O	1:A:116:MET:CB	0.55	2.55	11	1
1:A:33:LEU:C	1:A:33:LEU:CD2	0.55	2.75	4	3
1:A:68:LEU:HB2	1:A:77:ALA:HB2	0.55	1.77	3	7
1:A:37:TRP:O	1:A:40:ASP:CB	0.55	2.54	8	1
1:A:78:MET:CE	1:A:78:MET:O	0.55	2.54	17	5
1:A:89:GLN:O	1:A:92:ASP:N	0.54	2.36	17	20
1:A:75:ASP:CA	1:A:78:MET:HE1	0.54	2.31	3	1
1:A:68:LEU:HD13	1:A:68:LEU:O	0.54	2.01	19	13
1:A:16:MET:CE	1:A:17:ASP:N	0.54	2.70	10	2
1:A:8:LEU:HD13	1:A:11:ASN:ND2	0.54	2.17	15	1
1:A:91:VAL:O	1:A:95:HIS:HB2	0.54	2.02	11	16
1:A:42:VAL:HG21	1:A:109:MET:HE3	0.54	1.80	3	1
1:A:23:LEU:HD13	1:A:50:CYS:HB3	0.54	1.77	3	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:LEU:HG	1:A:37:TRP:CZ3	0.54	2.37	14	4
1:A:123:HIS:CD2	1:A:129:PRO:HG3	0.54	2.38	9	1
1:A:3:GLU:OE2	1:A:34:TYR:CZ	0.54	2.59	18	1
1:A:37:TRP:CE3	1:A:40:ASP:CB	0.54	2.90	6	5
1:A:116:MET:O	1:A:120:LYS:N	0.54	2.37	10	12
1:A:16:MET:HE1	1:A:55:LEU:HD11	0.54	1.79	3	1
1:A:90:LEU:HG	1:A:118:PHE:CD1	0.54	2.37	9	2
1:A:101:ALA:CB	1:A:114:VAL:HG22	0.54	2.33	8	16
1:A:78:MET:O	1:A:78:MET:CE	0.54	2.56	18	4
1:A:41:TYR:CE2	1:A:120:LYS:HG3	0.54	2.37	17	1
1:A:37:TRP:CD1	1:A:48:ALA:HB1	0.54	2.38	14	1
1:A:38:LYS:O	1:A:123:HIS:CD2	0.54	2.60	8	1
1:A:29:VAL:O	1:A:37:TRP:CZ3	0.54	2.61	9	1
1:A:122:ILE:N	1:A:122:ILE:CD1	0.54	2.71	17	3
1:A:8:LEU:HD23	1:A:9:SER:N	0.54	2.17	9	6
1:A:37:TRP:CD2	1:A:116:MET:CE	0.54	2.90	16	1
1:A:33:LEU:CD1	1:A:33:LEU:N	0.54	2.71	3	2
1:A:78:MET:CG	1:A:78:MET:O	0.54	2.56	13	3
1:A:38:LYS:HG2	1:A:123:HIS:CE1	0.54	2.38	8	1
1:A:4:ILE:HD11	1:A:35:ASN:OD1	0.54	2.02	4	2
1:A:37:TRP:CZ2	1:A:48:ALA:HB3	0.54	2.37	9	1
1:A:16:MET:SD	1:A:30:VAL:CG2	0.53	2.96	17	1
1:A:90:LEU:HA	1:A:93:ILE:CD1	0.53	2.33	11	20
1:A:29:VAL:O	1:A:37:TRP:CE3	0.53	2.61	9	1
1:A:94:ILE:O	1:A:98:GLU:CB	0.53	2.56	6	17
1:A:90:LEU:HD12	1:A:121:GLU:OE1	0.53	2.03	3	2
1:A:58:LYS:HG2	1:A:61:VAL:HG13	0.53	1.78	3	1
1:A:12:PHE:CD1	1:A:55:LEU:HD21	0.53	2.38	18	6
1:A:56:ALA:HB2	1:A:70:HIS:CG	0.53	2.39	14	7
1:A:16:MET:SD	1:A:30:VAL:HG11	0.53	2.43	16	1
1:A:34:TYR:CD1	1:A:34:TYR:N	0.53	2.74	15	1
1:A:41:TYR:CE2	1:A:120:LYS:HD2	0.53	2.39	1	1
1:A:46:ARG:CG	1:A:47:LEU:HD13	0.53	2.31	14	1
1:A:41:TYR:O	1:A:43:MET:N	0.53	2.41	15	18
1:A:120:LYS:HA	1:A:123:HIS:CD2	0.53	2.39	8	1
1:A:37:TRP:CE2	1:A:40:ASP:CG	0.53	2.82	9	1
1:A:41:TYR:CE2	1:A:120:LYS:CG	0.53	2.92	17	1
1:A:19:CYS:HB3	1:A:25:LEU:HD11	0.53	1.79	20	1
1:A:4:ILE:CD1	1:A:31:ALA:O	0.52	2.57	16	9
1:A:133:LEU:H	1:A:140:ALA:HB3	0.52	1.64	8	1
1:A:38:LYS:CG	1:A:123:HIS:CE1	0.52	2.92	8	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:LEU:HG	1:A:37:TRP:CZ2	0.52	2.39	4	2
1:A:39:ASP:HB2	1:A:123:HIS:CD2	0.52	2.39	7	7
1:A:47:LEU:HD13	1:A:47:LEU:N	0.52	2.19	12	8
1:A:25:LEU:HD21	1:A:30:VAL:HG13	0.52	1.81	8	3
1:A:33:LEU:HD13	1:A:37:TRP:CE2	0.52	2.39	13	1
1:A:12:PHE:O	1:A:16:MET:CE	0.52	2.57	4	2
1:A:29:VAL:O	1:A:37:TRP:CZ2	0.52	2.63	7	3
1:A:16:MET:CE	1:A:55:LEU:HD23	0.52	2.35	16	2
1:A:78:MET:O	1:A:86:MET:CE	0.52	2.58	6	4
1:A:41:TYR:CD1	1:A:116:MET:HG3	0.52	2.39	10	2
1:A:138:VAL:CG1	1:A:138:VAL:O	0.52	2.58	15	2
1:A:58:LYS:O	1:A:61:VAL:CG2	0.52	2.57	7	8
1:A:118:PHE:CD1	1:A:118:PHE:O	0.52	2.62	8	4
1:A:82:ALA:HB1	1:A:86:MET:CE	0.52	2.35	20	3
1:A:33:LEU:CD2	1:A:33:LEU:C	0.52	2.78	11	2
1:A:41:TYR:CE1	1:A:43:MET:HB3	0.52	2.40	3	1
1:A:132:ASP:O	1:A:140:ALA:HB1	0.52	2.05	13	2
1:A:125:LEU:CD1	1:A:125:LEU:N	0.52	2.71	11	5
1:A:33:LEU:HD12	1:A:37:TRP:NE1	0.52	2.20	6	1
1:A:125:LEU:HD13	1:A:127:TRP:H	0.52	1.64	2	4
1:A:125:LEU:N	1:A:125:LEU:CD1	0.52	2.69	8	10
1:A:47:LEU:N	1:A:47:LEU:HD13	0.52	2.20	20	7
1:A:78:MET:O	1:A:86:MET:HE3	0.52	2.05	15	2
1:A:10:ASN:C	1:A:12:PHE:N	0.51	2.62	1	20
1:A:106:ASP:O	1:A:109:MET:N	0.51	2.43	17	20
1:A:135:ILE:HD13	1:A:135:ILE:N	0.51	2.20	8	9
1:A:37:TRP:CZ3	1:A:48:ALA:HB1	0.51	2.39	4	2
1:A:93:ILE:HD11	1:A:121:GLU:OE2	0.51	2.05	5	2
1:A:125:LEU:HD13	1:A:126:ASN:H	0.51	1.65	3	15
1:A:12:PHE:HE1	1:A:55:LEU:HD21	0.51	1.65	8	2
1:A:32:ASP:OD2	1:A:37:TRP:CG	0.51	2.63	6	3
1:A:78:MET:C	1:A:82:ALA:HB3	0.51	2.26	9	5
1:A:41:TYR:CE2	1:A:120:LYS:HA	0.51	2.41	10	1
1:A:19:CYS:O	1:A:25:LEU:HD12	0.51	2.06	4	16
1:A:37:TRP:CD1	1:A:40:ASP:HB3	0.51	2.41	12	6
1:A:39:ASP:CB	1:A:123:HIS:CE1	0.51	2.93	16	1
1:A:37:TRP:CE3	1:A:40:ASP:HB3	0.51	2.40	1	6
1:A:123:HIS:CE1	1:A:129:PRO:HB3	0.51	2.41	16	5
1:A:33:LEU:HD12	1:A:37:TRP:CD2	0.51	2.41	19	2
1:A:139:LEU:HD23	1:A:140:ALA:N	0.51	2.21	9	1
1:A:13:GLY:O	1:A:16:MET:CE	0.51	2.58	10	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:3:GLU:CD	1:A:34:TYR:CE1	0.51	2.84	11	1
1:A:93:ILE:HD13	1:A:94:ILE:H	0.51	1.66	7	17
1:A:135:ILE:N	1:A:135:ILE:HD13	0.51	2.19	1	11
1:A:138:VAL:O	1:A:139:LEU:HD23	0.51	2.06	17	1
1:A:37:TRP:CD1	1:A:37:TRP:O	0.51	2.64	9	1
1:A:123:HIS:CE1	1:A:129:PRO:HG3	0.51	2.41	16	3
1:A:32:ASP:C	1:A:37:TRP:CD1	0.51	2.84	6	6
1:A:51:ALA:HA	1:A:54:CYS:SG	0.51	2.46	3	4
1:A:12:PHE:CE2	1:A:34:TYR:OH	0.51	2.57	3	1
1:A:78:MET:HE2	1:A:79:LYS:CB	0.51	2.36	3	1
1:A:32:ASP:OD2	1:A:37:TRP:CD2	0.51	2.63	15	4
1:A:59:LEU:O	1:A:63:ASP:N	0.51	2.38	10	14
1:A:12:PHE:CE1	1:A:16:MET:SD	0.51	3.04	6	1
1:A:90:LEU:CD1	1:A:121:GLU:OE2	0.50	2.59	5	1
1:A:86:MET:CE	1:A:118:PHE:CZ	0.50	2.95	12	1
1:A:33:LEU:HD13	1:A:37:TRP:CZ2	0.50	2.40	13	1
1:A:112:ILE:HA	1:A:115:ALA:HB3	0.50	1.83	7	5
1:A:132:ASP:O	1:A:133:LEU:C	0.50	2.49	18	3
1:A:8:LEU:HD22	1:A:11:ASN:CB	0.50	2.34	14	3
1:A:90:LEU:HD22	1:A:118:PHE:CD1	0.50	2.42	7	1
1:A:33:LEU:CD1	1:A:37:TRP:NE1	0.50	2.74	13	1
1:A:37:TRP:CG	1:A:116:MET:HE2	0.50	2.41	16	1
1:A:90:LEU:HD21	1:A:118:PHE:CG	0.50	2.41	14	3
1:A:93:ILE:CG1	1:A:117:CYS:SG	0.50	3.00	11	1
1:A:101:ALA:HB3	1:A:114:VAL:HG22	0.50	1.84	5	9
1:A:102:PRO:O	1:A:110:LYS:CG	0.50	2.60	13	6
1:A:73:ALA:HB1	1:A:77:ALA:HB3	0.50	1.83	3	4
1:A:33:LEU:HG	1:A:37:TRP:CH2	0.50	2.41	14	3
1:A:12:PHE:CD2	1:A:16:MET:HE3	0.50	2.41	7	3
1:A:77:ALA:HA	1:A:80:HIS:CE1	0.50	2.41	20	5
1:A:30:VAL:HG11	1:A:51:ALA:HB3	0.50	1.84	9	1
1:A:106:ASP:C	1:A:108:CYS:N	0.50	2.65	13	20
1:A:70:HIS:CD2	1:A:70:HIS:O	0.50	2.65	8	1
1:A:132:ASP:O	1:A:140:ALA:CB	0.50	2.60	13	1
1:A:27:ASP:O	1:A:30:VAL:HG22	0.50	2.06	17	1
1:A:39:ASP:HB3	1:A:123:HIS:CE1	0.50	2.42	9	1
1:A:75:ASP:O	1:A:78:MET:HE1	0.50	2.06	19	1
1:A:41:TYR:CE1	1:A:43:MET:HB2	0.50	2.42	18	1
1:A:11:ASN:OD1	1:A:11:ASN:N	0.49	2.45	7	3
1:A:83:ASP:O	1:A:86:MET:SD	0.49	2.70	3	4
1:A:33:LEU:CD1	1:A:37:TRP:CD2	0.49	2.95	3	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:93:ILE:HG12	1:A:94:ILE:N	0.49	2.22	3	20
1:A:8:LEU:O	1:A:9:SER:O	0.49	2.29	1	7
1:A:75:ASP:HA	1:A:78:MET:CE	0.49	2.38	18	13
1:A:133:LEU:CD1	1:A:142:VAL:C	0.49	2.80	8	1
1:A:138:VAL:O	1:A:138:VAL:CG1	0.49	2.59	17	1
1:A:6:LYS:O	1:A:34:TYR:CD2	0.49	2.65	9	1
1:A:122:ILE:C	1:A:124:LYS:N	0.49	2.66	20	20
1:A:78:MET:SD	1:A:78:MET:O	0.49	2.70	17	9
1:A:33:LEU:HD23	1:A:52:ILE:HG12	0.49	1.83	19	1
1:A:38:LYS:O	1:A:41:TYR:CE1	0.49	2.65	1	2
1:A:86:MET:HE1	1:A:118:PHE:CZ	0.49	2.43	12	1
1:A:33:LEU:HA	1:A:37:TRP:CE3	0.49	2.42	10	3
1:A:41:TYR:O	1:A:42:VAL:C	0.49	2.50	15	12
1:A:37:TRP:CE3	1:A:48:ALA:HB1	0.49	2.42	4	2
1:A:36:PHE:CD1	1:A:36:PHE:N	0.49	2.78	10	1
1:A:20:LYS:CG	1:A:25:LEU:O	0.49	2.60	7	18
1:A:46:ARG:CD	1:A:47:LEU:HD13	0.49	2.35	18	5
1:A:11:ASN:N	1:A:11:ASN:OD1	0.49	2.46	20	2
1:A:138:VAL:O	1:A:139:LEU:CD2	0.49	2.61	17	1
1:A:35:ASN:H	1:A:35:ASN:ND2	0.49	2.05	20	1
1:A:48:ALA:O	1:A:52:ILE:HG22	0.49	2.08	9	1
1:A:39:ASP:O	1:A:41:TYR:CE1	0.49	2.66	8	1
1:A:86:MET:SD	1:A:90:LEU:HD12	0.49	2.48	17	2
1:A:12:PHE:CG	1:A:16:MET:CE	0.49	2.95	15	1
1:A:106:ASP:O	1:A:108:CYS:N	0.49	2.46	12	20
1:A:39:ASP:O	1:A:41:TYR:CD1	0.49	2.65	8	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:29:VAL:CG2	0.49	2.91	17	6
1:A:33:LEU:HB2	1:A:37:TRP:CE2	0.49	2.42	13	2
1:A:121:GLU:O	1:A:124:LYS:CG	0.49	2.60	15	3
1:A:134:VAL:CG1	1:A:135:ILE:HD13	0.49	2.23	20	1
1:A:75:ASP:O	1:A:78:MET:CE	0.49	2.60	19	4
1:A:91:VAL:O	1:A:95:HIS:CB	0.49	2.61	11	6
1:A:4:ILE:N	1:A:4:ILE:HD13	0.49	2.23	15	7
1:A:133:LEU:HG	1:A:142:VAL:HG23	0.49	1.85	5	1
1:A:123:HIS:O	1:A:123:HIS:ND1	0.49	2.46	13	2
1:A:3:GLU:CD	1:A:34:TYR:CZ	0.49	2.86	11	1
1:A:8:LEU:HD13	1:A:8:LEU:C	0.49	2.27	10	1
1:A:125:LEU:HD11	1:A:127:TRP:CE3	0.48	2.43	12	6
1:A:19:CYS:O	1:A:23:LEU:N	0.48	2.46	8	2
1:A:19:CYS:O	1:A:23:LEU:HB2	0.48	2.08	20	2
1:A:73:ALA:HB1	1:A:77:ALA:CB	0.48	2.38	15	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:75:ASP:C	1:A:78:MET:CE	0.48	2.82	15	2
1:A:33:LEU:HB2	1:A:37:TRP:CZ2	0.48	2.42	4	1
1:A:3:GLU:HB3	1:A:34:TYR:CD2	0.48	2.43	6	1
1:A:82:ALA:CB	1:A:86:MET:SD	0.48	3.01	1	2
1:A:114:VAL:C	1:A:116:MET:N	0.48	2.66	8	16
1:A:123:HIS:CD2	1:A:123:HIS:N	0.48	2.80	12	1
1:A:55:LEU:O	1:A:55:LEU:CD1	0.48	2.60	12	1
1:A:101:ALA:CB	1:A:114:VAL:CG2	0.48	2.92	20	9
1:A:11:ASN:ND2	1:A:12:PHE:CD1	0.48	2.81	8	1
1:A:29:VAL:HG21	1:A:45:ASP:OD2	0.48	2.09	1	3
1:A:33:LEU:CD2	1:A:33:LEU:O	0.48	2.60	8	2
1:A:107:LYS:O	1:A:111:THR:CB	0.48	2.61	8	2
1:A:33:LEU:HD13	1:A:37:TRP:CE3	0.48	2.41	20	1
1:A:37:TRP:CE2	1:A:40:ASP:OD1	0.48	2.66	9	1
1:A:46:ARG:HG3	1:A:47:LEU:N	0.48	2.21	14	2
1:A:41:TYR:CE1	1:A:120:LYS:HG2	0.48	2.43	1	1
1:A:33:LEU:HD22	1:A:33:LEU:O	0.48	2.08	10	1
1:A:37:TRP:O	1:A:40:ASP:N	0.48	2.46	15	11
1:A:38:LYS:O	1:A:123:HIS:CE1	0.48	2.67	12	1
1:A:119:LYS:O	1:A:123:HIS:CE1	0.48	2.67	8	1
1:A:53:ASN:HA	1:A:70:HIS:CE1	0.48	2.44	1	3
1:A:46:ARG:O	1:A:49:GLY:N	0.48	2.45	2	18
1:A:16:MET:SD	1:A:30:VAL:HG23	0.48	2.49	17	1
1:A:13:GLY:O	1:A:16:MET:HE2	0.48	2.08	10	1
1:A:20:LYS:O	1:A:24:SER:HA	0.48	2.09	18	18
1:A:88:GLN:C	1:A:88:GLN:CD	0.48	2.72	15	2
1:A:39:ASP:HB2	1:A:123:HIS:CG	0.48	2.43	19	2
1:A:86:MET:HG3	1:A:90:LEU:HD22	0.48	1.86	1	1
1:A:75:ASP:O	1:A:79:LYS:CB	0.48	2.62	7	12
1:A:123:HIS:CD2	1:A:123:HIS:H	0.48	2.27	12	1
1:A:132:ASP:O	1:A:134:VAL:N	0.48	2.47	12	1
1:A:16:MET:SD	1:A:30:VAL:CG1	0.48	3.02	16	2
1:A:16:MET:CE	1:A:16:MET:HA	0.48	2.39	11	4
1:A:8:LEU:HD11	1:A:12:PHE:CD1	0.48	2.44	20	1
1:A:132:ASP:CB	1:A:141:GLU:N	0.48	2.77	20	1
1:A:112:ILE:C	1:A:112:ILE:HD13	0.47	2.29	8	10
1:A:41:TYR:HH	1:A:123:HIS:CE1	0.47	2.26	5	1
1:A:82:ALA:CB	1:A:86:MET:HG2	0.47	2.39	11	5
1:A:15:ALA:O	1:A:19:CYS:SG	0.47	2.71	8	7
1:A:41:TYR:CD1	1:A:116:MET:HB2	0.47	2.44	17	1
1:A:56:ALA:O	1:A:59:LEU:CD2	0.47	2.59	15	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:4:ILE:HD13	1:A:4:ILE:N	0.47	2.24	12	4
1:A:33:LEU:CD2	1:A:37:TRP:CZ2	0.47	2.96	18	1
1:A:58:LYS:CG	1:A:61:VAL:HG13	0.47	2.39	14	1
1:A:23:LEU:C	1:A:25:LEU:N	0.47	2.67	8	20
1:A:42:VAL:O	1:A:44:THR:N	0.47	2.48	3	17
1:A:3:GLU:HB3	1:A:34:TYR:CD1	0.47	2.45	5	3
1:A:19:CYS:SG	1:A:51:ALA:HA	0.47	2.49	8	1
1:A:57:THR:HG23	1:A:58:LYS:H	0.47	1.67	8	12
1:A:25:LEU:HD22	1:A:26:PRO:N	0.47	2.24	1	20
1:A:133:LEU:N	1:A:140:ALA:CB	0.47	2.76	5	2
1:A:104:ASN:CB	1:A:106:ASP:OD1	0.47	2.63	11	1
1:A:126:ASN:O	1:A:126:ASN:ND2	0.47	2.48	11	2
1:A:16:MET:HE2	1:A:16:MET:HA	0.47	1.86	6	3
1:A:12:PHE:CE2	1:A:55:LEU:CD2	0.47	2.98	10	1
1:A:15:ALA:HB3	1:A:55:LEU:CD2	0.47	2.39	19	1
1:A:7:ASN:ND2	1:A:8:LEU:O	0.47	2.47	4	13
1:A:129:PRO:C	1:A:131:MET:N	0.47	2.68	12	15
1:A:3:GLU:HG3	1:A:34:TYR:CD1	0.47	2.45	11	2
1:A:41:TYR:CG	1:A:116:MET:HG3	0.47	2.45	15	1
1:A:68:LEU:O	1:A:69:HIS:ND1	0.47	2.47	12	3
1:A:126:ASN:ND2	1:A:126:ASN:O	0.47	2.47	14	5
1:A:39:ASP:HB2	1:A:123:HIS:CE1	0.47	2.44	16	2
1:A:16:MET:CE	1:A:55:LEU:HD11	0.47	2.39	3	1
1:A:37:TRP:CD1	1:A:37:TRP:C	0.47	2.88	13	2
1:A:33:LEU:HD13	1:A:37:TRP:NE1	0.47	2.24	13	1
1:A:123:HIS:ND1	1:A:123:HIS:O	0.47	2.48	10	2
1:A:39:ASP:HB3	1:A:123:HIS:CG	0.47	2.44	9	1
1:A:31:ALA:HA	1:A:34:TYR:CE2	0.47	2.45	15	1
1:A:8:LEU:C	1:A:8:LEU:HD12	0.47	2.29	15	2
1:A:33:LEU:HD22	1:A:33:LEU:C	0.47	2.31	8	1
1:A:37:TRP:NE1	1:A:40:ASP:O	0.47	2.48	9	2
1:A:123:HIS:CD2	1:A:129:PRO:CG	0.47	2.97	9	1
1:A:11:ASN:OD1	1:A:62:VAL:CG2	0.47	2.63	1	1
1:A:27:ASP:HA	1:A:30:VAL:HG12	0.47	1.87	5	3
1:A:88:GLN:NE2	1:A:88:GLN:O	0.47	2.48	15	2
1:A:23:LEU:HD11	1:A:51:ALA:HA	0.47	1.87	9	1
1:A:68:LEU:CD2	1:A:69:HIS:N	0.47	2.71	14	1
1:A:68:LEU:HD13	1:A:69:HIS:N	0.47	2.24	8	11
1:A:89:GLN:O	1:A:92:ASP:CG	0.47	2.53	7	8
1:A:125:LEU:CD1	1:A:127:TRP:CG	0.47	2.97	12	7
1:A:78:MET:CB	1:A:118:PHE:CE2	0.47	2.98	15	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:41:TYR:C	1:A:43:MET:N	0.46	2.68	9	18
1:A:16:MET:HG3	1:A:30:VAL:HG11	0.46	1.87	3	1
1:A:41:TYR:CD1	1:A:43:MET:HB3	0.46	2.44	3	1
1:A:90:LEU:O	1:A:94:ILE:CG1	0.46	2.64	11	1
1:A:78:MET:HB2	1:A:118:PHE:CE2	0.46	2.45	15	1
1:A:33:LEU:CD2	1:A:37:TRP:CE3	0.46	2.98	14	1
1:A:32:ASP:CG	1:A:37:TRP:CD1	0.46	2.88	17	2
1:A:16:MET:HG3	1:A:30:VAL:HG21	0.46	1.87	12	1
1:A:78:MET:HB2	1:A:118:PHE:CZ	0.46	2.46	15	2
1:A:90:LEU:CD2	1:A:118:PHE:CG	0.46	2.99	11	1
1:A:11:ASN:ND2	1:A:11:ASN:N	0.46	2.58	4	1
1:A:8:LEU:CD1	1:A:12:PHE:HB2	0.46	2.39	10	1
1:A:8:LEU:CD1	1:A:11:ASN:HB3	0.46	2.40	6	1
1:A:30:VAL:CG1	1:A:51:ALA:CB	0.46	2.94	12	1
1:A:52:ILE:CD1	1:A:55:LEU:HD22	0.46	2.41	3	1
1:A:30:VAL:CG1	1:A:51:ALA:HB3	0.46	2.40	19	1
1:A:16:MET:SD	1:A:16:MET:N	0.46	2.89	19	1
1:A:25:LEU:CB	1:A:47:LEU:HB3	0.46	2.40	2	8
1:A:86:MET:HE2	1:A:118:PHE:CE1	0.46	2.44	12	1
1:A:112:ILE:CD1	1:A:116:MET:CG	0.46	2.94	2	3
1:A:12:PHE:CD2	1:A:34:TYR:OH	0.46	2.63	8	1
1:A:86:MET:SD	1:A:87:ALA:N	0.46	2.88	15	4
1:A:52:ILE:CD1	1:A:52:ILE:O	0.46	2.63	18	1
1:A:18:GLN:O	1:A:22:GLU:CD	0.46	2.54	10	12
1:A:56:ALA:HB1	1:A:59:LEU:HD11	0.46	1.88	16	1
1:A:95:HIS:O	1:A:99:LYS:CE	0.46	2.63	11	1
1:A:112:ILE:HD13	1:A:112:ILE:C	0.46	2.31	10	9
1:A:8:LEU:CD1	1:A:11:ASN:HB2	0.46	2.40	16	2
1:A:88:GLN:NE2	1:A:89:GLN:OE1	0.46	2.48	9	4
1:A:8:LEU:HD23	1:A:9:SER:H	0.46	1.71	9	1
1:A:78:MET:O	1:A:82:ALA:HB3	0.46	2.10	15	1
1:A:100:SER:OG	1:A:138:VAL:HG21	0.46	2.10	18	2
1:A:90:LEU:O	1:A:94:ILE:HB	0.46	2.11	3	6
1:A:33:LEU:HD22	1:A:37:TRP:NE1	0.46	2.24	16	1
1:A:49:GLY:CA	1:A:112:ILE:HG13	0.46	2.40	4	7
1:A:82:ALA:CB	1:A:86:MET:HG3	0.46	2.41	3	3
1:A:41:TYR:CE1	1:A:120:LYS:HB2	0.46	2.45	5	1
1:A:54:CYS:C	1:A:56:ALA:N	0.46	2.69	16	3
1:A:11:ASN:HB3	1:A:61:VAL:HG21	0.46	1.87	16	1
1:A:90:LEU:O	1:A:94:ILE:N	0.46	2.46	19	10
1:A:3:GLU:HB3	1:A:34:TYR:CG	0.46	2.46	11	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:12:PHE:C	1:A:16:MET:SD	0.46	2.94	20	2
1:A:49:GLY:O	1:A:52:ILE:CG2	0.46	2.64	4	1
1:A:23:LEU:CD1	1:A:51:ALA:HA	0.46	2.41	9	3
1:A:76:PHE:O	1:A:80:HIS:ND1	0.46	2.49	19	2
1:A:123:HIS:C	1:A:123:HIS:ND1	0.46	2.69	14	1
1:A:11:ASN:C	1:A:11:ASN:ND2	0.45	2.69	1	1
1:A:11:ASN:HB3	1:A:61:VAL:CG2	0.45	2.42	16	2
1:A:123:HIS:CD2	1:A:123:HIS:C	0.45	2.88	2	2
1:A:12:PHE:O	1:A:15:ALA:N	0.45	2.49	20	1
1:A:86:MET:O	1:A:90:LEU:HD13	0.45	2.12	12	3
1:A:129:PRO:O	1:A:131:MET:N	0.45	2.50	12	10
1:A:35:ASN:C	1:A:36:PHE:CD2	0.45	2.89	14	3
1:A:33:LEU:O	1:A:33:LEU:CD2	0.45	2.63	11	3
1:A:8:LEU:HD21	1:A:12:PHE:CB	0.45	2.41	19	1
1:A:56:ALA:HB1	1:A:70:HIS:HB2	0.45	1.88	14	1
1:A:63:ASP:OD1	1:A:63:ASP:O	0.45	2.34	14	4
1:A:67:ASN:O	1:A:67:ASN:ND2	0.45	2.50	9	1
1:A:53:ASN:CG	1:A:70:HIS:CE1	0.45	2.89	15	1
1:A:60:ASP:N	1:A:60:ASP:OD1	0.45	2.49	2	1
1:A:11:ASN:ND2	1:A:61:VAL:C	0.45	2.69	5	1
1:A:116:MET:O	1:A:119:LYS:N	0.45	2.49	8	1
1:A:95:HIS:O	1:A:99:LYS:CG	0.45	2.65	9	1
1:A:56:ALA:CB	1:A:70:HIS:HB2	0.45	2.42	5	3
1:A:25:LEU:HD21	1:A:30:VAL:CG1	0.45	2.42	12	2
1:A:122:ILE:O	1:A:124:LYS:N	0.45	2.50	13	5
1:A:138:VAL:O	1:A:138:VAL:CG2	0.45	2.64	19	6
1:A:27:ASP:HA	1:A:30:VAL:HG22	0.45	1.89	11	3
1:A:78:MET:CE	1:A:79:LYS:HB2	0.45	2.41	16	3
1:A:54:CYS:O	1:A:57:THR:HB	0.45	2.12	8	14
1:A:41:TYR:OH	1:A:123:HIS:CE1	0.45	2.70	5	1
1:A:41:TYR:CD1	1:A:42:VAL:N	0.45	2.85	13	1
1:A:78:MET:O	1:A:78:MET:SD	0.45	2.75	14	4
1:A:42:VAL:C	1:A:44:THR:N	0.45	2.70	5	19
1:A:114:VAL:O	1:A:116:MET:N	0.45	2.50	8	1
1:A:119:LYS:O	1:A:123:HIS:ND1	0.45	2.50	8	1
1:A:19:CYS:N	1:A:22:GLU:OE2	0.45	2.49	5	2
1:A:90:LEU:C	1:A:92:ASP:N	0.45	2.70	15	10
1:A:16:MET:HA	1:A:16:MET:CE	0.45	2.42	9	3
1:A:37:TRP:CE3	1:A:38:LYS:N	0.45	2.85	18	7
1:A:23:LEU:HD21	1:A:50:CYS:SG	0.45	2.51	3	1
1:A:49:GLY:O	1:A:112:ILE:CG1	0.45	2.66	20	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:27:ASP:HA	1:A:30:VAL:CG2	0.45	2.42	9	2
1:A:12:PHE:CD1	1:A:16:MET:SD	0.45	3.10	6	1
1:A:59:LEU:HA	1:A:62:VAL:HG23	0.44	1.88	5	10
1:A:41:TYR:HH	1:A:113:ASP:CG	0.44	2.14	13	1
1:A:31:ALA:HA	1:A:34:TYR:CD2	0.44	2.47	13	1
1:A:104:ASN:O	1:A:107:LYS:N	0.44	2.50	9	1
1:A:37:TRP:NE1	1:A:48:ALA:HB1	0.44	2.27	14	1
1:A:19:CYS:O	1:A:24:SER:N	0.44	2.50	8	1
1:A:19:CYS:SG	1:A:51:ALA:CA	0.44	3.05	8	1
1:A:18:GLN:O	1:A:22:GLU:HG2	0.44	2.12	13	4
1:A:83:ASP:N	1:A:83:ASP:OD1	0.44	2.50	8	2
1:A:38:LYS:O	1:A:116:MET:CE	0.44	2.66	20	1
1:A:16:MET:HE1	1:A:55:LEU:HD23	0.44	1.88	12	1
1:A:32:ASP:O	1:A:35:ASN:OD1	0.44	2.36	20	1
1:A:58:LYS:O	1:A:61:VAL:HG13	0.44	2.13	10	1
1:A:77:ALA:O	1:A:80:HIS:ND1	0.44	2.50	3	1
1:A:33:LEU:HG	1:A:37:TRP:CE2	0.44	2.46	3	1
1:A:27:ASP:OD1	1:A:27:ASP:O	0.44	2.36	17	1
1:A:138:VAL:O	1:A:138:VAL:HG12	0.44	2.12	15	2
1:A:13:GLY:HA2	1:A:16:MET:SD	0.44	2.53	4	1
1:A:90:LEU:CD2	1:A:118:PHE:CE1	0.44	2.87	20	1
1:A:131:MET:CG	1:A:131:MET:O	0.44	2.65	9	1
1:A:12:PHE:CG	1:A:16:MET:HE3	0.44	2.48	15	1
1:A:33:LEU:CD1	1:A:37:TRP:CZ3	0.44	2.98	2	1
1:A:93:ILE:O	1:A:96:GLY:N	0.44	2.50	3	13
1:A:67:ASN:ND2	1:A:67:ASN:O	0.44	2.51	5	3
1:A:120:LYS:HA	1:A:123:HIS:CE1	0.44	2.47	12	1
1:A:86:MET:C	1:A:86:MET:SD	0.44	2.95	12	4
1:A:58:LYS:HB3	1:A:61:VAL:HG13	0.44	1.88	10	2
1:A:32:ASP:HB3	1:A:37:TRP:CE2	0.44	2.48	1	4
1:A:59:LEU:O	1:A:63:ASP:CG	0.44	2.56	18	11
1:A:54:CYS:O	1:A:56:ALA:N	0.44	2.50	19	3
1:A:112:ILE:HD11	1:A:116:MET:HG3	0.44	1.89	9	2
1:A:134:VAL:HG12	1:A:135:ILE:HD13	0.44	1.89	14	1
1:A:124:LYS:O	1:A:124:LYS:CG	0.44	2.66	5	3
1:A:90:LEU:O	1:A:94:ILE:CB	0.44	2.66	11	2
1:A:37:TRP:CE2	1:A:48:ALA:HB1	0.44	2.48	11	1
1:A:25:LEU:HD23	1:A:29:VAL:CG2	0.44	2.43	20	2
1:A:35:ASN:HB3	1:A:36:PHE:CD1	0.44	2.48	10	1
1:A:35:ASN:O	1:A:36:PHE:HB3	0.44	2.13	4	2
1:A:138:VAL:CG2	1:A:138:VAL:O	0.44	2.66	14	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:ASN:CB	1:A:14:LYS:HB2	0.44	2.43	8	4
1:A:42:VAL:HG21	1:A:109:MET:CE	0.44	2.42	3	1
1:A:132:ASP:C	1:A:140:ALA:HB1	0.44	2.33	3	3
1:A:41:TYR:OH	1:A:113:ASP:CG	0.44	2.57	13	3
1:A:11:ASN:ND2	1:A:61:VAL:O	0.44	2.50	11	1
1:A:16:MET:CE	1:A:30:VAL:HG21	0.44	2.42	14	1
1:A:93:ILE:CG1	1:A:94:ILE:N	0.43	2.81	3	20
1:A:126:ASN:CG	1:A:126:ASN:O	0.43	2.56	14	3
1:A:37:TRP:CE2	1:A:40:ASP:O	0.43	2.71	10	1
1:A:74:LYS:HG2	1:A:76:PHE:CE2	0.43	2.48	10	1
1:A:8:LEU:HD23	1:A:8:LEU:C	0.43	2.33	19	1
1:A:132:ASP:O	1:A:134:VAL:HG13	0.43	2.13	5	1
1:A:59:LEU:O	1:A:63:ASP:OD2	0.43	2.36	14	5
1:A:112:ILE:HD11	1:A:116:MET:CG	0.43	2.44	2	3
1:A:74:LYS:O	1:A:78:MET:SD	0.43	2.76	8	4
1:A:19:CYS:SG	1:A:51:ALA:O	0.43	2.76	8	5
1:A:120:LYS:O	1:A:123:HIS:ND1	0.43	2.51	17	1
1:A:52:ILE:HD13	1:A:52:ILE:O	0.43	2.13	18	1
1:A:128:VAL:CG1	1:A:128:VAL:O	0.43	2.65	1	1
1:A:88:GLN:O	1:A:91:VAL:N	0.43	2.51	12	1
1:A:83:ASP:O	1:A:85:THR:N	0.43	2.52	3	1
1:A:101:ALA:CB	1:A:114:VAL:HG12	0.43	2.43	7	1
1:A:125:LEU:HD13	1:A:127:TRP:CD1	0.43	2.49	11	1
1:A:32:ASP:HB3	1:A:37:TRP:CG	0.43	2.49	10	1
1:A:89:GLN:O	1:A:92:ASP:HB2	0.43	2.13	5	3
1:A:56:ALA:CB	1:A:70:HIS:HB3	0.43	2.44	4	3
1:A:78:MET:HE1	1:A:79:LYS:CB	0.43	2.43	6	3
1:A:38:LYS:HB3	1:A:123:HIS:CG	0.43	2.49	8	1
1:A:6:LYS:O	1:A:6:LYS:CG	0.43	2.66	13	1
1:A:41:TYR:CZ	1:A:119:LYS:HB3	0.43	2.49	15	1
1:A:116:MET:O	1:A:117:CYS:C	0.43	2.56	17	6
1:A:37:TRP:CG	1:A:40:ASP:HB3	0.43	2.49	9	2
1:A:41:TYR:CE2	1:A:120:LYS:CD	0.43	3.01	1	1
1:A:122:ILE:CD1	1:A:122:ILE:N	0.43	2.76	18	2
1:A:58:LYS:CB	1:A:61:VAL:HG13	0.43	2.44	13	3
1:A:8:LEU:HD22	1:A:11:ASN:CG	0.43	2.33	2	1
1:A:76:PHE:O	1:A:80:HIS:CD2	0.43	2.72	17	1
1:A:132:ASP:CG	1:A:140:ALA:HB1	0.43	2.34	20	1
1:A:19:CYS:HB2	1:A:25:LEU:HD11	0.43	1.91	8	1
1:A:121:GLU:OE2	1:A:141:GLU:CG	0.43	2.67	8	1
1:A:30:VAL:HA	1:A:33:LEU:CD1	0.42	2.44	16	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:THR:HG23	1:A:58:LYS:N	0.42	2.28	8	1
1:A:86:MET:CA	1:A:90:LEU:HD13	0.42	2.44	3	1
1:A:113:ASP:O	1:A:116:MET:HG3	0.42	2.13	17	1
1:A:32:ASP:O	1:A:35:ASN:CG	0.42	2.58	20	1
1:A:56:ALA:HB1	1:A:59:LEU:CD2	0.42	2.44	2	1
1:A:123:HIS:C	1:A:123:HIS:CD2	0.42	2.92	6	1
1:A:59:LEU:O	1:A:63:ASP:OD1	0.42	2.36	7	5
1:A:126:ASN:O	1:A:126:ASN:CG	0.42	2.58	12	2
1:A:19:CYS:HA	1:A:22:GLU:CG	0.42	2.44	16	1
1:A:16:MET:HE3	1:A:17:ASP:CA	0.42	2.44	10	1
1:A:113:ASP:O	1:A:117:CYS:N	0.42	2.50	5	1
1:A:76:PHE:N	1:A:76:PHE:CD1	0.42	2.87	3	1
1:A:102:PRO:O	1:A:110:LYS:HG3	0.42	2.14	13	3
1:A:83:ASP:OD1	1:A:83:ASP:N	0.42	2.51	11	1
1:A:56:ALA:CB	1:A:70:HIS:CB	0.42	2.97	14	2
1:A:67:ASN:ND2	1:A:67:ASN:C	0.42	2.73	11	3
1:A:129:PRO:O	1:A:130:ASN:C	0.42	2.58	10	9
1:A:11:ASN:ND2	1:A:12:PHE:CE1	0.42	2.87	8	1
1:A:8:LEU:CG	1:A:12:PHE:HB2	0.42	2.44	7	2
1:A:122:ILE:O	1:A:125:LEU:HG	0.42	2.14	17	2
1:A:12:PHE:CA	1:A:16:MET:HE3	0.42	2.44	20	1
1:A:11:ASN:OD1	1:A:11:ASN:C	0.42	2.57	6	1
1:A:85:THR:O	1:A:89:GLN:N	0.42	2.45	18	3
1:A:12:PHE:CD2	1:A:34:TYR:CE1	0.42	3.08	20	1
1:A:112:ILE:CD1	1:A:112:ILE:C	0.42	2.88	15	3
1:A:27:ASP:OD1	1:A:30:VAL:CG1	0.42	2.67	5	1
1:A:87:ALA:O	1:A:91:VAL:HG23	0.42	2.14	17	3
1:A:67:ASN:C	1:A:67:ASN:ND2	0.42	2.72	9	2
1:A:23:LEU:O	1:A:25:LEU:N	0.42	2.53	20	2
1:A:39:ASP:HA	1:A:123:HIS:CG	0.42	2.50	7	2
1:A:99:LYS:HG3	1:A:100:SER:N	0.42	2.29	20	4
1:A:15:ALA:O	1:A:19:CYS:CB	0.42	2.68	9	1
1:A:22:GLU:OE2	1:A:54:CYS:SG	0.42	2.78	2	2
1:A:38:LYS:HD3	1:A:123:HIS:CE1	0.42	2.50	8	1
1:A:86:MET:HG3	1:A:87:ALA:N	0.42	2.30	17	3
1:A:39:ASP:OD1	1:A:123:HIS:CE1	0.42	2.73	15	1
1:A:93:ILE:CD1	1:A:121:GLU:OE2	0.42	2.67	5	2
1:A:112:ILE:O	1:A:113:ASP:C	0.42	2.58	7	2
1:A:86:MET:SD	1:A:86:MET:C	0.42	2.98	17	2
1:A:86:MET:SD	1:A:90:LEU:CD1	0.42	3.08	17	1
1:A:16:MET:O	1:A:27:ASP:OD2	0.42	2.37	17	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:142:VAL:HG22	1:A:142:VAL:O	0.42	2.15	10	1
1:A:52:ILE:HD13	1:A:55:LEU:CB	0.42	2.44	14	1
1:A:58:LYS:C	1:A:60:ASP:N	0.41	2.73	12	1
1:A:12:PHE:CD2	1:A:16:MET:HG3	0.41	2.50	16	1
1:A:52:ILE:O	1:A:55:LEU:HB3	0.41	2.15	16	2
1:A:40:ASP:O	1:A:40:ASP:OD1	0.41	2.38	3	2
1:A:132:ASP:C	1:A:140:ALA:CB	0.41	2.88	11	1
1:A:16:MET:HE3	1:A:17:ASP:N	0.41	2.30	10	1
1:A:116:MET:HG3	1:A:117:CYS:N	0.41	2.30	18	2
1:A:41:TYR:N	1:A:41:TYR:CD1	0.41	2.88	5	1
1:A:39:ASP:HA	1:A:123:HIS:ND1	0.41	2.30	12	1
1:A:18:GLN:C	1:A:22:GLU:OE2	0.41	2.59	5	3
1:A:90:LEU:CD1	1:A:121:GLU:OE1	0.41	2.67	3	1
1:A:138:VAL:O	1:A:139:LEU:HD12	0.41	2.15	20	1
1:A:20:LYS:CD	1:A:27:ASP:HB3	0.41	2.45	20	1
1:A:97:CYS:SG	1:A:142:VAL:CG2	0.41	3.08	14	1
1:A:75:ASP:O	1:A:79:LYS:HB3	0.41	2.15	3	1
1:A:141:GLU:O	1:A:142:VAL:C	0.41	2.59	13	2
1:A:37:TRP:CD2	1:A:40:ASP:CG	0.41	2.94	9	1
1:A:48:ALA:O	1:A:52:ILE:CG2	0.41	2.68	9	1
1:A:33:LEU:N	1:A:37:TRP:NE1	0.41	2.68	15	1
1:A:86:MET:O	1:A:90:LEU:HB2	0.41	2.15	8	1
1:A:110:LYS:O	1:A:113:ASP:N	0.41	2.54	8	1
1:A:120:LYS:HA	1:A:123:HIS:CG	0.41	2.50	8	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:26:PRO:HD2	0.41	2.45	17	1
1:A:128:VAL:HG23	1:A:128:VAL:O	0.41	2.16	19	1
1:A:82:ALA:CB	1:A:86:MET:HE3	0.41	2.45	5	1
1:A:59:LEU:HD23	1:A:69:HIS:ND1	0.41	2.30	16	1
1:A:86:MET:SD	1:A:90:LEU:CD2	0.41	3.06	8	1
1:A:133:LEU:CG	1:A:133:LEU:O	0.41	2.68	7	1
1:A:12:PHE:HD1	1:A:55:LEU:HD11	0.41	1.68	13	1
1:A:133:LEU:HA	1:A:140:ALA:HB3	0.41	1.93	11	1
1:A:140:ALA:O	1:A:142:VAL:HG12	0.41	2.15	11	1
1:A:53:ASN:OD1	1:A:70:HIS:NE2	0.41	2.51	15	1
1:A:133:LEU:CD1	1:A:133:LEU:N	0.41	2.83	6	1
1:A:33:LEU:CG	1:A:37:TRP:CZ3	0.41	3.03	14	1
1:A:35:ASN:HB3	1:A:36:PHE:CD2	0.41	2.50	14	1
1:A:19:CYS:C	1:A:21:ASP:N	0.41	2.74	20	2
1:A:33:LEU:HD12	1:A:52:ILE:HD13	0.41	1.91	11	1
1:A:87:ALA:O	1:A:91:VAL:CG2	0.41	2.69	17	1
1:A:11:ASN:OD1	1:A:11:ASN:O	0.41	2.39	6	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:69:HIS:O	1:A:70:HIS:C	0.41	2.57	5	5
1:A:58:LYS:O	1:A:62:VAL:HG22	0.41	2.16	5	1
1:A:67:ASN:OD1	1:A:80:HIS:NE2	0.41	2.54	16	1
1:A:22:GLU:HG3	1:A:23:LEU:HD23	0.41	1.93	8	2
1:A:83:ASP:C	1:A:85:THR:N	0.41	2.72	3	3
1:A:39:ASP:O	1:A:41:TYR:N	0.41	2.49	3	1
1:A:108:CYS:O	1:A:112:ILE:CG2	0.41	2.69	7	1
1:A:3:GLU:O	1:A:6:LYS:O	0.41	2.39	13	2
1:A:41:TYR:OH	1:A:119:LYS:CG	0.41	2.69	15	1
1:A:133:LEU:C	1:A:133:LEU:CD2	0.41	2.86	11	2
1:A:134:VAL:HB	1:A:135:ILE:HD13	0.41	1.93	1	1
1:A:106:ASP:O	1:A:107:LYS:C	0.41	2.59	3	3
1:A:18:GLN:C	1:A:22:GLU:CD	0.41	2.80	5	1
1:A:23:LEU:CD1	1:A:50:CYS:HB3	0.41	2.46	3	1
1:A:123:HIS:CD2	1:A:129:PRO:HB3	0.41	2.50	13	1
1:A:111:THR:HG22	1:A:115:ALA:HB2	0.41	1.92	11	1
1:A:37:TRP:O	1:A:40:ASP:O	0.41	2.39	4	1
1:A:95:HIS:O	1:A:99:LYS:HG2	0.41	2.16	9	1
1:A:121:GLU:O	1:A:124:LYS:HG2	0.41	2.15	15	1
1:A:133:LEU:CD2	1:A:133:LEU:C	0.41	2.86	15	1
1:A:30:VAL:O	1:A:33:LEU:HD12	0.41	2.16	18	1
1:A:63:ASP:O	1:A:63:ASP:OD1	0.41	2.38	18	1
1:A:12:PHE:CE1	1:A:16:MET:HE1	0.41	2.50	1	1
1:A:43:MET:CE	1:A:141:GLU:HG3	0.41	2.45	12	1
1:A:41:TYR:CE1	1:A:43:MET:CB	0.41	3.03	3	1
1:A:16:MET:HA	1:A:16:MET:HE2	0.41	1.92	11	1
1:A:30:VAL:CG2	1:A:51:ALA:HB1	0.41	2.45	20	1
1:A:95:HIS:O	1:A:99:LYS:HB3	0.41	2.16	9	1
1:A:33:LEU:CD1	1:A:37:TRP:CE2	0.41	3.04	19	1
1:A:112:ILE:C	1:A:112:ILE:CD1	0.40	2.89	1	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:11:ASN:CG	0.40	2.89	12	1
1:A:32:ASP:OD1	1:A:37:TRP:CD1	0.40	2.74	17	1
1:A:20:LYS:CD	1:A:27:ASP:HB2	0.40	2.46	19	1
1:A:41:TYR:CD2	1:A:43:MET:HB2	0.40	2.51	16	1
1:A:16:MET:HG3	1:A:30:VAL:CG1	0.40	2.46	3	1
1:A:112:ILE:O	1:A:116:MET:HB3	0.40	2.16	11	1
1:A:12:PHE:C	1:A:16:MET:CE	0.40	2.89	4	1
1:A:8:LEU:CD2	1:A:9:SER:N	0.40	2.74	10	1
1:A:123:HIS:CE1	1:A:127:TRP:CZ3	0.40	3.09	9	1
1:A:86:MET:O	1:A:86:MET:SD	0.40	2.80	5	1
1:A:15:ALA:O	1:A:19:CYS:N	0.40	2.47	12	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:ASN:HB3	1:A:14:LYS:CB	0.40	2.46	20	1
1:A:112:ILE:CD1	1:A:116:MET:HB2	0.40	2.47	5	1
1:A:3:GLU:OE1	1:A:34:TYR:O	0.40	2.40	8	1
1:A:39:ASP:CA	1:A:123:HIS:HB3	0.40	2.46	8	1
1:A:42:VAL:CG1	1:A:46:ARG:HA	0.40	2.45	13	1
1:A:109:MET:HA	1:A:112:ILE:CG2	0.40	2.47	9	1
1:A:85:THR:CG2	1:A:86:MET:N	0.40	2.85	2	1
1:A:38:LYS:C	1:A:40:ASP:N	0.40	2.75	6	1
1:A:50:CYS:O	1:A:54:CYS:SG	0.40	2.80	14	1
1:A:101:ALA:HB3	1:A:114:VAL:CG2	0.40	2.46	5	1
1:A:33:LEU:HB2	1:A:37:TRP:CZ3	0.40	2.51	12	1
1:A:10:ASN:O	1:A:14:LYS:CB	0.40	2.70	8	1
1:A:109:MET:C	1:A:112:ILE:HG22	0.40	2.37	8	1
1:A:32:ASP:OD1	1:A:37:TRP:CG	0.40	2.75	17	1
1:A:88:GLN:O	1:A:92:ASP:OD1	0.40	2.40	4	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	139/142 (98%)	103±1 (74±1%)	28±1 (20±1%)	8±1 (6±1%)	4	23
All	All	2780/2840 (98%)	2064 (74%)	560 (20%)	156 (6%)	4	23

All 14 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	125	LEU	20
1	A	139	LEU	20
1	A	9	SER	20
1	A	57	THR	20
1	A	36	PHE	19
1	A	11	ASN	19
1	A	43	MET	14

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	42	VAL	9
1	A	107	LYS	5
1	A	77	ALA	5
1	A	8	LEU	2
1	A	123	HIS	1
1	A	133	LEU	1
1	A	84	GLU	1

### 6.3.2 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 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	121/123 (98%)	71±4 (59±4%)	50±4 (41±4%)	<div>04</div>
All	All	2420/2460 (98%)	1418 (59%)	1002 (41%)	<div>04</div>

All 94 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	125	LEU	20
1	A	25	LEU	20
1	A	47	LEU	20
1	A	133	LEU	20
1	A	93	ILE	20
1	A	100	SER	20
1	A	135	ILE	20
1	A	53	ASN	20
1	A	112	ILE	20
1	A	88	GLN	20
1	A	78	MET	20
1	A	68	LEU	20
1	A	110	LYS	19
1	A	52	ILE	19
1	A	62	VAL	19
1	A	80	HIS	18
1	A	114	VAL	18
1	A	55	LEU	17

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	57	THR	17
1	A	37	TRP	17
1	A	5	MET	17
1	A	54	CYS	17
1	A	86	MET	16
1	A	21	ASP	16
1	A	20	LYS	16
1	A	46	ARG	15
1	A	123	HIS	15
1	A	118	PHE	15
1	A	139	LEU	15
1	A	34	TYR	14
1	A	120	LYS	14
1	A	74	LYS	14
1	A	94	ILE	14
1	A	11	ASN	13
1	A	36	PHE	13
1	A	22	GLU	13
1	A	141	GLU	13
1	A	97	CYS	12
1	A	16	MET	12
1	A	43	MET	12
1	A	124	LYS	12
1	A	106	ASP	12
1	A	65	ASP	11
1	A	50	CYS	11
1	A	8	LEU	11
1	A	127	TRP	11
1	A	99	LYS	11
1	A	83	ASP	10
1	A	60	ASP	10
1	A	98	GLU	10
1	A	116	MET	10
1	A	45	ASP	10
1	A	6	LYS	10
1	A	131	MET	9
1	A	33	LEU	9
1	A	59	LEU	9
1	A	63	ASP	9
1	A	109	MET	9
1	A	119	LYS	9
1	A	38	LYS	8

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	137	GLU	8
1	A	35	ASN	8
1	A	12	PHE	8
1	A	79	LYS	7
1	A	67	ASN	7
1	A	23	LEU	6
1	A	132	ASP	6
1	A	39	ASP	6
1	A	14	LYS	6
1	A	70	HIS	5
1	A	113	ASP	5
1	A	95	HIS	5
1	A	24	SER	5
1	A	3	GLU	4
1	A	105	ASP	4
1	A	107	LYS	4
1	A	91	VAL	4
1	A	58	LYS	3
1	A	75	ASP	3
1	A	138	VAL	3
1	A	10	ASN	3
1	A	104	ASN	3
1	A	85	THR	2
1	A	41	TYR	2
1	A	84	GLU	2
1	A	134	VAL	2
1	A	76	PHE	2
1	A	19	CYS	2
1	A	30	VAL	1
1	A	92	ASP	1
1	A	117	CYS	1
1	A	32	ASP	1
1	A	108	CYS	1
1	A	130	ASN	1

### 6.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

## 6.5 Carbohydrates [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

No chemical shift data were provided