



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Apr 26, 2016 – 02:05 PM BST

PDB ID : 1AP7  
Title : P19-INK4D FROM MOUSE, NMR, 20 STRUCTURES  
Authors : Archer, S.J.; Luh, F.Y.; Domaille, P.J.; Smith, B.O.; Laue, E.D.  
Deposited on : 1997-07-25

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

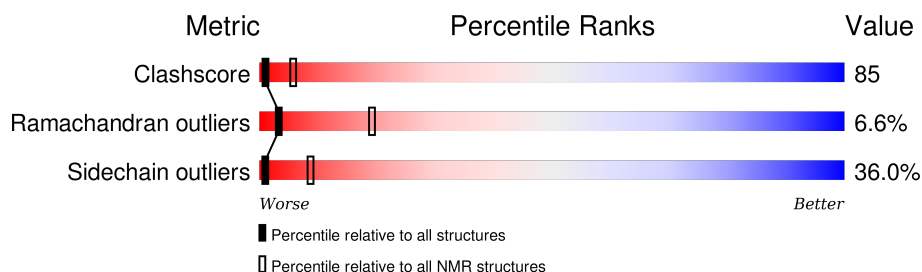
# 1 Overall quality at a glance

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	168	

## 2 Ensemble composition and analysis

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

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

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:10-A:72, A:76-A:164 (152)	0.60	1

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

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

The models can be grouped into 3 clusters. No single-model clusters were found.

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

### 3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 2518 atoms, of which 1261 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called P19-INK4D.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	168	Total	C	H	N	O	S	0
			2518	777	1261	233	239	8	

There is a discrepancy between the modelled and reference sequences:

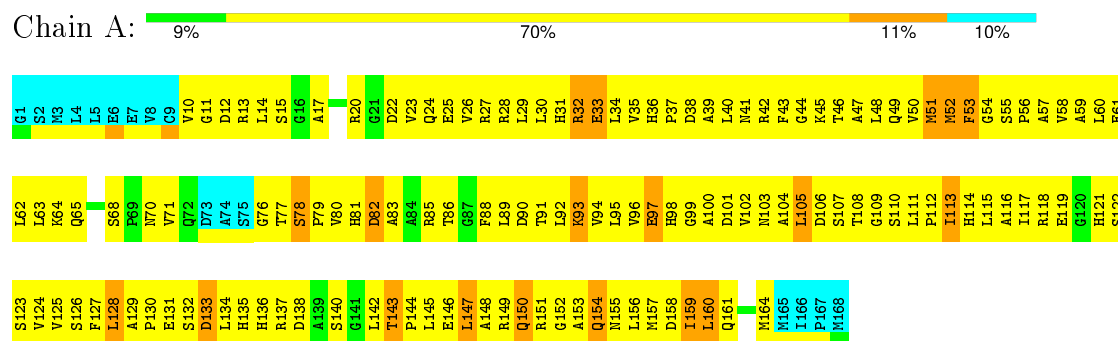
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	18	ALA	ARG	CONFLICT	UNP Q60773

## 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: P19-INK4D

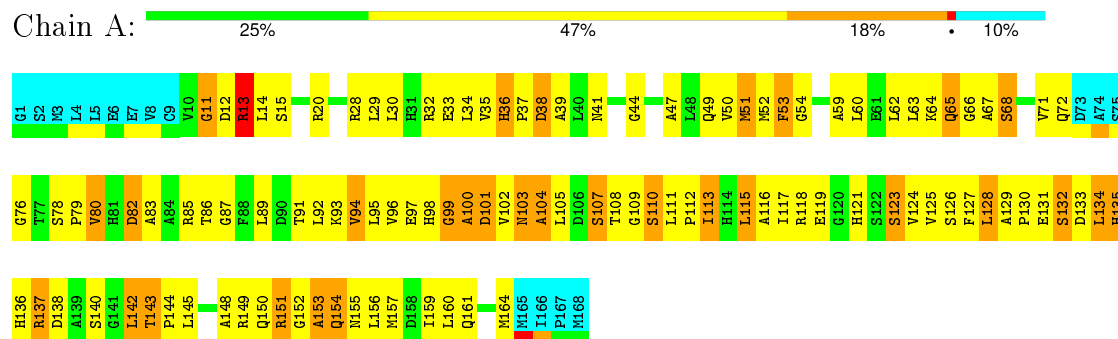


### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

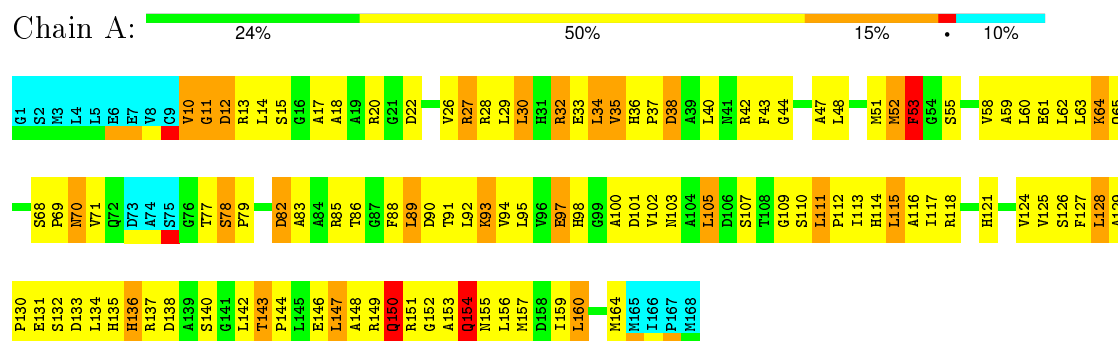
#### 4.2.1 Score per residue for model 1 (medoid)

- Molecule 1: P19-INK4D



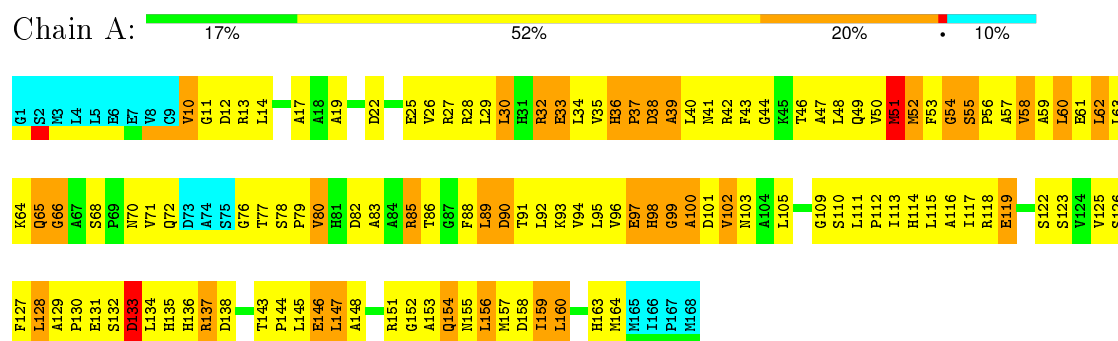
## 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: P19-INK4D



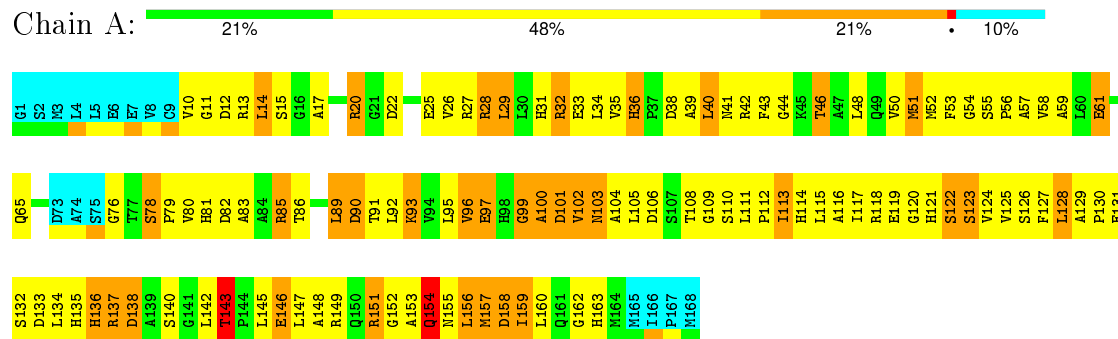
## 4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: P19-INK4D



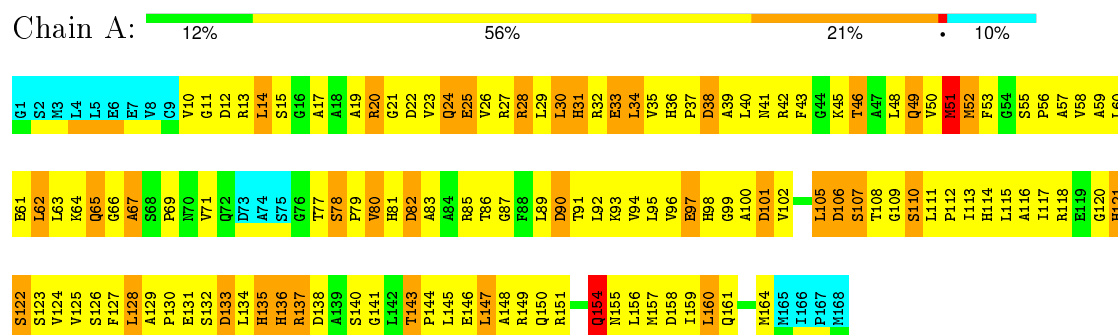
## 4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: P19-INK4D



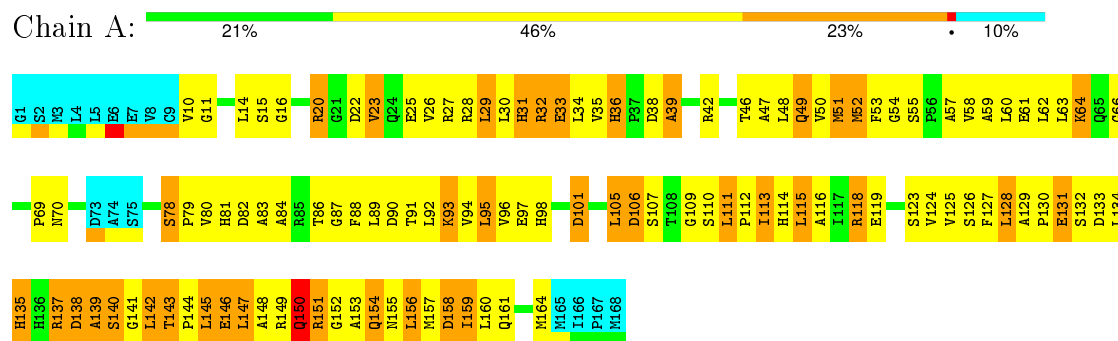
### 4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: P19-INK4D



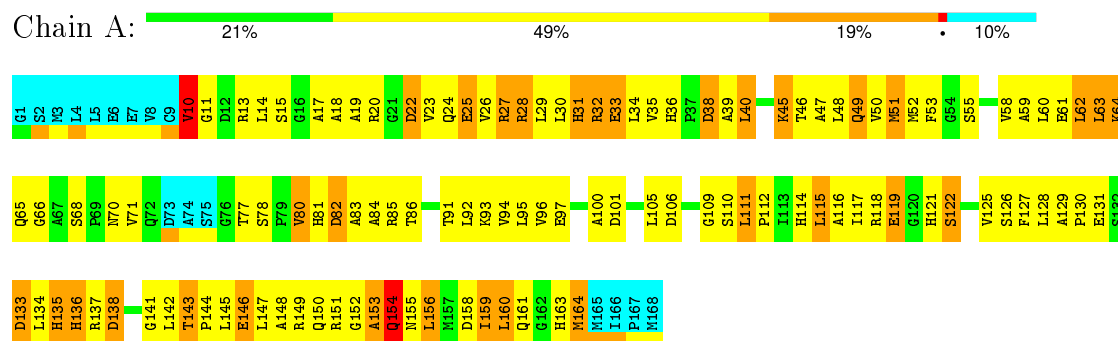
### 4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: P19-INK4D



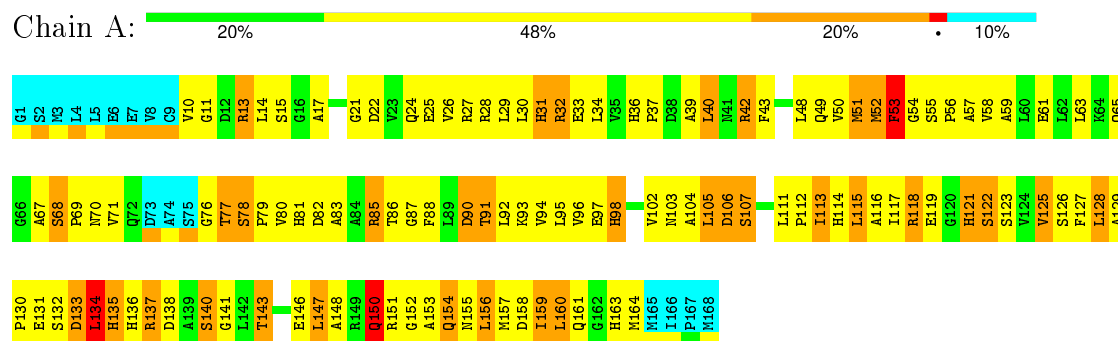
### 4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: P19-INK4D



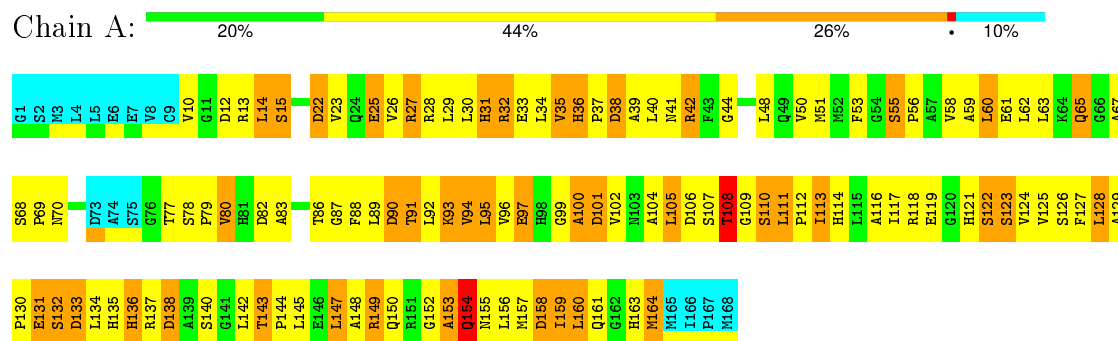
### 4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: P19-INK4D



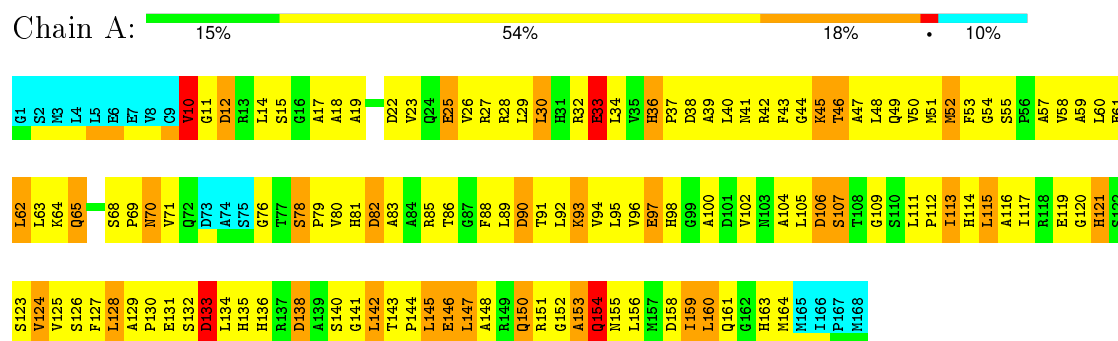
#### 4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: P19-INK4D



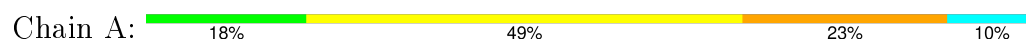
#### 4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: P19-INK4D

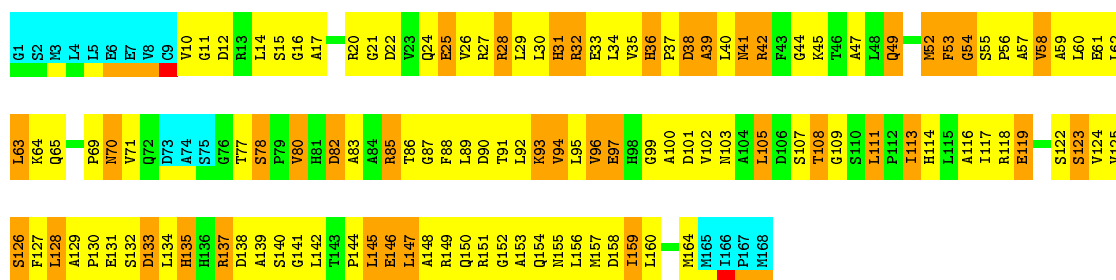


#### 4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: P19-INK4D

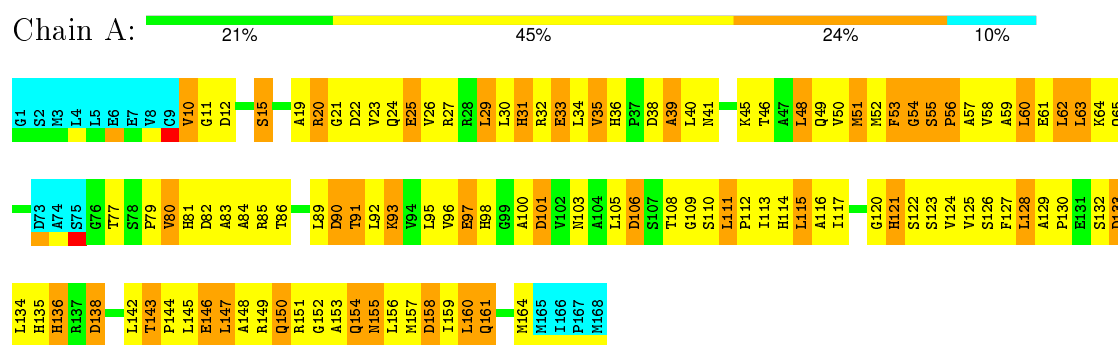






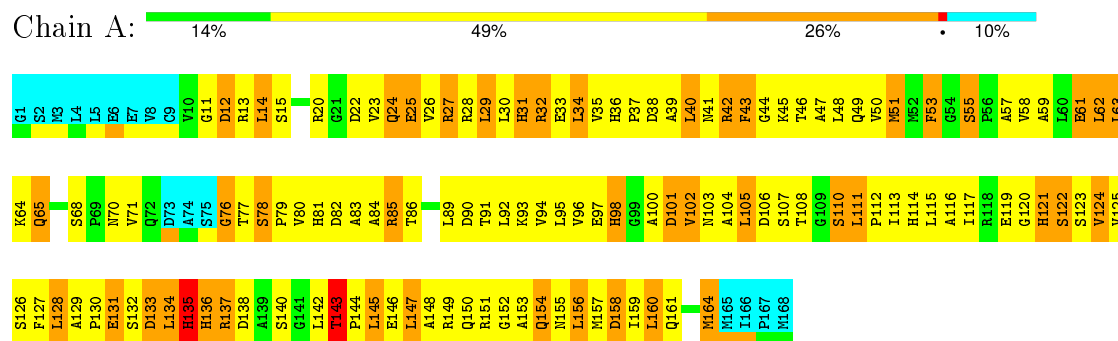
#### 4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: P19-INK4D



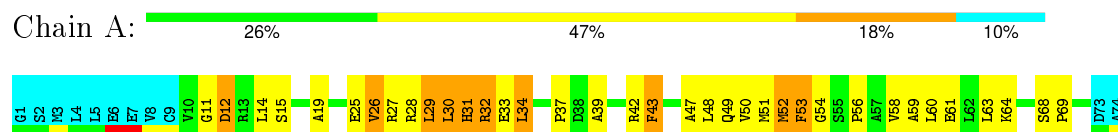
#### 4.2.13 Score per residue for model 13

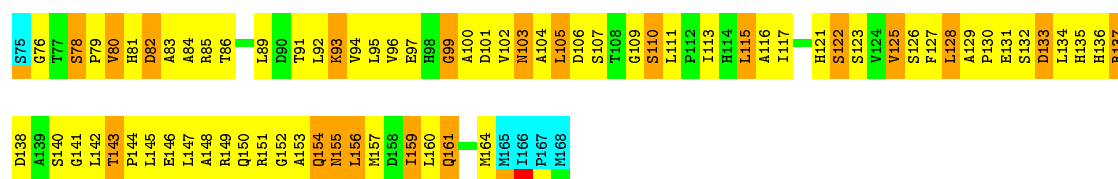
- Molecule 1: P19-INK4D



#### 4.2.14 Score per residue for model 14

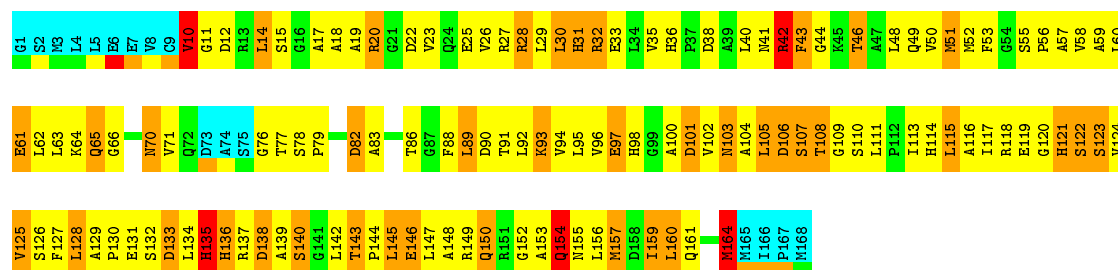
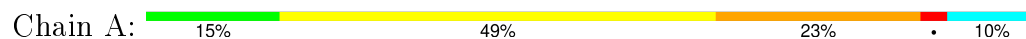
- Molecule 1: P19-INK4D





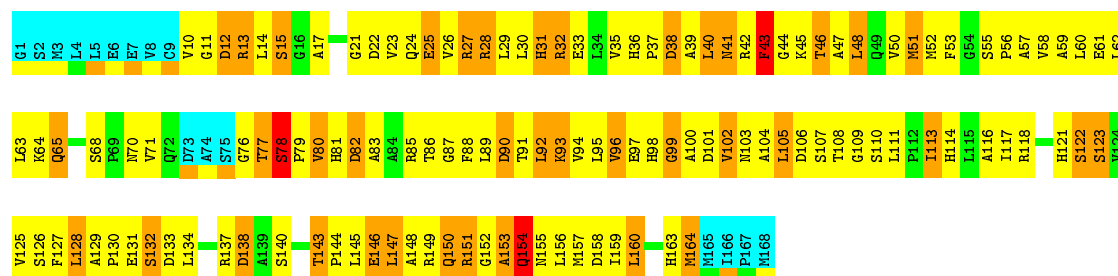
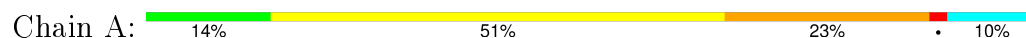
#### 4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: P19-INK4D



#### 4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: P19-INK4D



#### 4.2.17 Score per residue for model 17

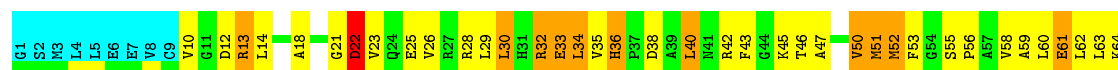
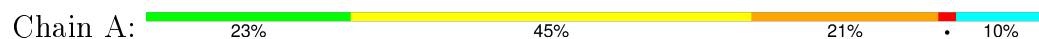
- Molecule 1: P19-INK4D





#### 4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: P19-INK4D



## 5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *XPLOR SA WITH AMBIGUOUS RESTRAINTS*.

Of the 30 calculated structures, 20 were deposited, based on the following criterion: *LOWEST ENERGY STRUCTURES WITH NO VIOLATIONS*.

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

Software name	Classification	Version
X-PLOR	refinement	3.1
AZARA	structure solution	
ANSIG	structure solution	
XPLOR	structure solution	
PIPP	structure solution	
NMRPIPE	structure solution	

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	1141	1144	1144	194±26
All	All	22820	22880	22869	3887

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 85.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:142:LEU:HB3	1:A:146:GLU:CD	1.49	1.17	19	1
1:A:142:LEU:CD2	1:A:146:GLU:OE1	1.42	1.68	12	2
1:A:22:ASP:CB	1:A:25:GLU:OE1	1.40	1.66	4	2
1:A:127:PHE:CD1	1:A:131:GLU:OE2	1.38	1.74	3	5
1:A:20:ARG:CG	1:A:22:ASP:OD2	1.38	1.70	12	2
1:A:127:PHE:CE1	1:A:131:GLU:OE2	1.35	1.79	4	5
1:A:116:ALA:CA	1:A:119:GLU:OE2	1.35	1.75	7	1
1:A:155:ASN:CB	1:A:158:ASP:OD2	1.35	1.72	16	4
1:A:110:SER:HA	1:A:138:ASP:CG	1.35	1.40	18	2
1:A:110:SER:CA	1:A:138:ASP:OD1	1.34	1.73	2	3
1:A:26:VAL:HG12	1:A:61:GLU:OE2	1.34	1.15	8	2
1:A:90:ASP:OD1	1:A:91:THR:N	1.34	1.56	5	7
1:A:94:VAL:C	1:A:97:GLU:OE1	1.34	1.66	13	5
1:A:33:GLU:OE1	1:A:35:VAL:CG2	1.33	1.75	6	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:133:ASP:CG	1:A:136:HIS:HB2	1.32	1.44	17	3
1:A:94:VAL:HA	1:A:97:GLU:OE2	1.32	1.11	13	3
1:A:111:LEU:HD11	1:A:133:ASP:CG	1.32	1.39	5	1
1:A:93:LYS:O	1:A:97:GLU:CD	1.30	1.66	13	5
1:A:22:ASP:CG	1:A:25:GLU:OE1	1.30	1.68	4	1
1:A:22:ASP:OD2	1:A:25:GLU:HB2	1.30	1.10	3	3
1:A:85:ARG:HA	1:A:119:GLU:OE2	1.30	1.23	4	4
1:A:79:PRO:HA	1:A:82:ASP:OD2	1.30	1.20	12	5
1:A:133:ASP:OD1	1:A:136:HIS:HB3	1.30	1.16	10	2
1:A:94:VAL:O	1:A:97:GLU:CD	1.29	1.64	3	4
1:A:116:ALA:HA	1:A:119:GLU:OE1	1.29	1.27	9	4
1:A:33:GLU:CD	1:A:35:VAL:HG22	1.29	1.46	6	2
1:A:155:ASN:HA	1:A:158:ASP:OD2	1.29	1.21	9	2
1:A:76:GLY:C	1:A:106:ASP:OD1	1.29	1.68	13	3
1:A:94:VAL:CA	1:A:97:GLU:OE2	1.27	1.82	10	3
1:A:29:LEU:CD2	1:A:33:GLU:OE1	1.27	1.81	11	4
1:A:111:LEU:CD1	1:A:133:ASP:OD2	1.27	1.82	5	2
1:A:56:PRO:HG3	1:A:90:ASP:OD1	1.27	1.08	18	2
1:A:12:ASP:OD1	1:A:41:ASN:CB	1.27	1.80	13	1
1:A:27:ARG:NE	1:A:61:GLU:OE2	1.27	1.66	17	1
1:A:25:GLU:OE1	1:A:25:GLU:N	1.26	1.67	13	2
1:A:77:THR:HA	1:A:106:ASP:OD2	1.26	1.21	19	2
1:A:142:LEU:CB	1:A:146:GLU:CD	1.26	2.01	19	1
1:A:26:VAL:HG12	1:A:61:GLU:CD	1.26	1.48	8	2
1:A:22:ASP:OD2	1:A:25:GLU:HG2	1.26	1.22	16	3
1:A:143:THR:OG1	1:A:146:GLU:CD	1.25	1.75	13	2
1:A:27:ARG:HG2	1:A:61:GLU:OE1	1.24	1.10	17	1
1:A:116:ALA:HA	1:A:119:GLU:OE2	1.24	1.03	7	1
1:A:56:PRO:HG3	1:A:90:ASP:OD2	1.24	1.20	8	3
1:A:155:ASN:HB2	1:A:158:ASP:OD2	1.24	1.32	6	2
1:A:77:THR:CA	1:A:106:ASP:OD2	1.24	1.85	19	2
1:A:22:ASP:OD2	1:A:25:GLU:CD	1.23	1.75	4	1
1:A:20:ARG:CD	1:A:22:ASP:OD2	1.23	1.85	12	2
1:A:154:GLN:O	1:A:158:ASP:OD1	1.23	1.57	12	1
1:A:56:PRO:CG	1:A:90:ASP:OD2	1.23	1.85	8	1
1:A:94:VAL:C	1:A:97:GLU:OE2	1.23	1.77	3	1
1:A:110:SER:HA	1:A:138:ASP:OD1	1.22	1.31	18	2
1:A:133:ASP:OD1	1:A:136:HIS:HB2	1.22	1.05	20	4
1:A:70:ASN:HA	1:A:101:ASP:OD2	1.22	1.03	9	4
1:A:142:LEU:HB3	1:A:146:GLU:OE2	1.21	1.28	19	1
1:A:26:VAL:O	1:A:61:GLU:OE2	1.21	1.58	5	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:155:ASN:O	1:A:158:ASP:OD1	1.21	1.58	3	4
1:A:33:GLU:OE1	1:A:35:VAL:HG22	1.21	1.36	16	4
1:A:70:ASN:CA	1:A:101:ASP:OD2	1.20	1.89	9	1
1:A:26:VAL:CG1	1:A:61:GLU:CD	1.20	2.08	8	2
1:A:143:THR:OG1	1:A:146:GLU:OE1	1.20	1.58	20	3
1:A:116:ALA:CA	1:A:119:GLU:OE1	1.20	1.90	20	4
1:A:127:PHE:CD2	1:A:131:GLU:OE1	1.19	1.95	6	3
1:A:22:ASP:OD2	1:A:25:GLU:CB	1.19	1.88	3	3
1:A:94:VAL:O	1:A:97:GLU:OE1	1.19	1.60	13	2
1:A:133:ASP:OD2	1:A:136:HIS:HB2	1.19	1.35	9	5
1:A:56:PRO:HB3	1:A:90:ASP:OD1	1.19	1.31	9	1
1:A:26:VAL:HG13	1:A:61:GLU:OE1	1.18	1.35	20	4
1:A:141:GLY:O	1:A:146:GLU:OE2	1.18	1.57	18	1
1:A:79:PRO:O	1:A:82:ASP:OD1	1.18	1.60	18	6
1:A:133:ASP:OD1	1:A:136:HIS:CB	1.18	1.91	20	4
1:A:158:ASP:OD1	1:A:159:ILE:N	1.18	1.77	16	3
1:A:109:GLY:O	1:A:138:ASP:OD1	1.17	1.60	18	4
1:A:22:ASP:OD2	1:A:25:GLU:CG	1.17	1.93	16	5
1:A:142:LEU:HD22	1:A:146:GLU:OE1	1.16	1.18	12	2
1:A:111:LEU:CD2	1:A:133:ASP:OD1	1.16	1.93	5	3
1:A:33:GLU:OE2	1:A:35:VAL:HG13	1.15	1.40	20	3
1:A:142:LEU:CB	1:A:146:GLU:OE1	1.15	1.93	19	1
1:A:33:GLU:OE2	1:A:35:VAL:CG1	1.15	1.95	20	3
1:A:143:THR:N	1:A:146:GLU:OE1	1.14	1.66	8	1
1:A:101:ASP:OD1	1:A:101:ASP:O	1.14	1.64	16	1
1:A:142:LEU:HB3	1:A:146:GLU:OE1	1.14	1.39	19	1
1:A:78:SER:OG	1:A:101:ASP:OD1	1.13	1.66	5	1
1:A:155:ASN:HB3	1:A:158:ASP:CG	1.13	1.62	16	4
1:A:108:THR:O	1:A:138:ASP:OD1	1.13	1.66	11	1
1:A:115:LEU:O	1:A:119:GLU:OE2	1.12	1.67	10	2
1:A:57:ALA:O	1:A:61:GLU:OE1	1.12	1.64	8	3
1:A:97:GLU:HA	1:A:131:GLU:OE2	1.12	1.43	9	1
1:A:111:LEU:CD1	1:A:133:ASP:CG	1.12	2.16	5	1
1:A:110:SER:HA	1:A:138:ASP:OD2	1.12	1.42	18	1
1:A:143:THR:CB	1:A:146:GLU:OE1	1.11	1.96	13	1
1:A:133:ASP:OD2	1:A:136:HIS:ND1	1.11	1.82	4	2
1:A:27:ARG:CG	1:A:61:GLU:OE1	1.11	1.98	17	2
1:A:155:ASN:CA	1:A:158:ASP:OD2	1.11	1.96	9	3
1:A:80:VAL:HG21	1:A:102:VAL:HG12	1.11	1.16	5	1
1:A:12:ASP:OD1	1:A:41:ASN:HB2	1.10	1.41	13	1
1:A:127:PHE:O	1:A:131:GLU:OE1	1.10	1.69	13	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:26:VAL:CG1	1:A:61:GLU:OE2	1.09	1.97	8	1
1:A:27:ARG:HG2	1:A:61:GLU:OE2	1.09	1.47	3	2
1:A:26:VAL:CG1	1:A:61:GLU:OE1	1.09	2.00	11	5
1:A:76:GLY:CA	1:A:106:ASP:OD1	1.09	2.01	16	2
1:A:33:GLU:CD	1:A:35:VAL:HG13	1.09	1.68	20	2
1:A:111:LEU:HD11	1:A:133:ASP:OD2	1.09	0.86	5	2
1:A:22:ASP:HB2	1:A:25:GLU:OE2	1.08	1.37	10	2
1:A:70:ASN:OD1	1:A:101:ASP:OD2	1.08	1.70	20	1
1:A:29:LEU:HD22	1:A:33:GLU:OE1	1.07	1.41	11	2
1:A:111:LEU:HD23	1:A:113:ILE:HG22	1.07	1.26	4	3
1:A:93:LYS:O	1:A:97:GLU:OE1	1.07	1.72	13	6
1:A:22:ASP:CB	1:A:25:GLU:OE2	1.07	2.00	19	2
1:A:153:ALA:HB3	1:A:156:LEU:HD22	1.07	1.27	12	1
1:A:56:PRO:CG	1:A:90:ASP:OD1	1.07	2.03	18	2
1:A:13:ARG:HG2	1:A:33:GLU:OE2	1.05	1.51	13	1
1:A:22:ASP:HA	1:A:25:GLU:OE1	1.05	1.49	18	1
1:A:127:PHE:O	1:A:131:GLU:OE2	1.05	1.73	6	2
1:A:93:LYS:C	1:A:97:GLU:OE1	1.05	1.95	18	3
1:A:146:GLU:N	1:A:146:GLU:OE1	1.05	1.89	11	1
1:A:27:ARG:HA	1:A:61:GLU:OE2	1.04	1.52	10	3
1:A:10:VAL:HG13	1:A:35:VAL:HG12	1.04	1.23	12	1
1:A:22:ASP:CG	1:A:25:GLU:HG3	1.04	1.72	9	2
1:A:83:ALA:CB	1:A:92:LEU:HD11	1.03	1.83	4	1
1:A:12:ASP:OD1	1:A:41:ASN:HB3	1.03	1.52	13	1
1:A:53:PHE:CE2	1:A:95:LEU:HD21	1.02	1.89	12	15
1:A:27:ARG:HG2	1:A:61:GLU:CD	1.02	1.73	10	2
1:A:83:ALA:HB3	1:A:92:LEU:HD13	1.02	1.19	20	4
1:A:111:LEU:HD23	1:A:113:ILE:CG2	1.02	1.85	4	3
1:A:36:HIS:ND1	1:A:38:ASP:OD1	1.02	1.93	7	3
1:A:76:GLY:N	1:A:106:ASP:OD1	1.01	1.94	16	3
1:A:36:HIS:CE1	1:A:38:ASP:OD1	1.00	2.14	7	1
1:A:155:ASN:C	1:A:158:ASP:OD1	1.00	1.98	3	4
1:A:22:ASP:HB2	1:A:25:GLU:OE1	1.00	1.47	4	2
1:A:155:ASN:HB3	1:A:158:ASP:OD2	0.99	0.77	16	4
1:A:14:LEU:HD23	1:A:35:VAL:HG11	0.99	1.29	18	1
1:A:155:ASN:HB2	1:A:158:ASP:CG	0.99	1.74	11	1
1:A:133:ASP:OD1	1:A:133:ASP:O	0.99	1.79	10	5
1:A:20:ARG:HG2	1:A:22:ASP:OD2	0.99	1.52	12	1
1:A:158:ASP:OD1	1:A:159:ILE:HG13	0.99	1.58	5	2
1:A:155:ASN:O	1:A:158:ASP:CG	0.99	2.00	9	4
1:A:133:ASP:OD2	1:A:136:HIS:CG	0.98	2.15	2	3

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:20:ARG:NE	1:A:22:ASP:OD2	0.98	1.94	12	1
1:A:127:PHE:CE2	1:A:131:GLU:OE1	0.98	2.16	6	3
1:A:85:ARG:HD2	1:A:119:GLU:OE1	0.98	1.57	19	2
1:A:111:LEU:HD21	1:A:133:ASP:OD1	0.98	1.54	5	3
1:A:26:VAL:HG21	1:A:58:VAL:HG22	0.97	1.29	8	4
1:A:22:ASP:OD2	1:A:25:GLU:OE1	0.97	1.71	4	1
1:A:22:ASP:CA	1:A:25:GLU:OE1	0.97	2.11	18	1
1:A:27:ARG:CD	1:A:61:GLU:OE2	0.97	2.11	17	1
1:A:151:ARG:O	1:A:156:LEU:HD21	0.97	1.59	3	4
1:A:143:THR:H	1:A:146:GLU:CD	0.97	1.61	8	1
1:A:94:VAL:HA	1:A:97:GLU:CD	0.97	1.79	13	7
1:A:94:VAL:O	1:A:97:GLU:OE2	0.97	1.82	15	2
1:A:79:PRO:CA	1:A:82:ASP:OD2	0.96	2.12	12	3
1:A:94:VAL:HA	1:A:97:GLU:OE1	0.96	1.60	18	2
1:A:127:PHE:CD1	1:A:131:GLU:CD	0.96	2.39	6	1
1:A:82:ASP:O	1:A:86:THR:HG23	0.96	1.60	18	19
1:A:22:ASP:OD2	1:A:25:GLU:OE2	0.96	1.83	4	1
1:A:94:VAL:CA	1:A:97:GLU:CD	0.96	2.33	13	7
1:A:110:SER:CA	1:A:138:ASP:OD2	0.96	2.14	18	1
1:A:85:ARG:CA	1:A:119:GLU:OE2	0.95	2.14	4	2
1:A:142:LEU:HD23	1:A:146:GLU:OE1	0.95	1.57	12	1
1:A:133:ASP:CG	1:A:136:HIS:CB	0.95	2.33	17	2
1:A:109:GLY:C	1:A:138:ASP:OD1	0.95	2.05	18	3
1:A:83:ALA:HB1	1:A:92:LEU:CD1	0.95	1.90	4	2
1:A:127:PHE:CG	1:A:131:GLU:OE1	0.95	2.20	6	1
1:A:53:PHE:CZ	1:A:83:ALA:HB2	0.95	1.96	4	13
1:A:133:ASP:CG	1:A:136:HIS:ND1	0.95	2.19	4	1
1:A:27:ARG:HG3	1:A:61:GLU:OE1	0.95	1.61	10	1
1:A:10:VAL:HG21	1:A:35:VAL:HG12	0.94	1.37	20	2
1:A:85:ARG:HA	1:A:119:GLU:OE1	0.94	1.60	7	3
1:A:127:PHE:O	1:A:131:GLU:CD	0.94	2.03	6	1
1:A:110:SER:CA	1:A:138:ASP:CG	0.94	2.35	18	2
1:A:53:PHE:CE2	1:A:83:ALA:HB2	0.94	1.97	17	20
1:A:155:ASN:HB3	1:A:158:ASP:OD1	0.94	1.63	9	3
1:A:82:ASP:C	1:A:82:ASP:OD1	0.93	2.07	11	1
1:A:27:ARG:CA	1:A:61:GLU:OE2	0.93	2.15	11	3
1:A:26:VAL:HG22	1:A:61:GLU:OE1	0.93	1.64	5	1
1:A:56:PRO:HB3	1:A:90:ASP:OD2	0.93	1.63	12	1
1:A:33:GLU:CD	1:A:35:VAL:CG2	0.92	2.28	6	2
1:A:94:VAL:CA	1:A:97:GLU:OE1	0.92	2.15	18	4
1:A:80:VAL:CG2	1:A:102:VAL:HG12	0.92	1.94	5	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:26:VAL:HG21	1:A:58:VAL:HG12	0.92	1.41	11	3
1:A:116:ALA:HA	1:A:119:GLU:CD	0.92	1.83	7	4
1:A:22:ASP:HB2	1:A:25:GLU:CD	0.92	1.86	18	1
1:A:56:PRO:CB	1:A:90:ASP:OD1	0.91	2.19	9	1
1:A:133:ASP:OD2	1:A:136:HIS:CB	0.91	2.18	2	4
1:A:27:ARG:CZ	1:A:61:GLU:OE2	0.91	2.19	17	1
1:A:14:LEU:O	1:A:14:LEU:HD22	0.91	1.65	9	2
1:A:153:ALA:HB3	1:A:156:LEU:CD2	0.91	1.93	12	1
1:A:55:SER:O	1:A:58:VAL:HG22	0.90	1.66	2	7
1:A:142:LEU:CB	1:A:146:GLU:OE2	0.90	2.11	19	1
1:A:30:LEU:HD22	1:A:65:GLN:CG	0.90	1.96	16	7
1:A:53:PHE:CE1	1:A:82:ASP:OD1	0.90	2.23	12	3
1:A:83:ALA:HB1	1:A:92:LEU:HD11	0.90	0.95	4	2
1:A:125:VAL:HG21	1:A:156:LEU:HD21	0.89	1.44	20	2
1:A:155:ASN:CA	1:A:158:ASP:OD1	0.89	2.20	20	4
1:A:40:LEU:HD23	1:A:45:LYS:C	0.89	1.86	7	3
1:A:77:THR:N	1:A:106:ASP:OD1	0.89	2.05	13	3
1:A:156:LEU:HD23	1:A:159:ILE:HD11	0.89	1.44	17	1
1:A:56:PRO:HG3	1:A:90:ASP:CG	0.88	1.88	8	2
1:A:128:LEU:O	1:A:128:LEU:HD22	0.88	1.67	19	1
1:A:57:ALA:HB1	1:A:61:GLU:OE1	0.88	1.67	3	1
1:A:153:ALA:HB1	1:A:154:GLN:OE1	0.88	1.69	4	2
1:A:155:ASN:OD1	1:A:156:LEU:HD23	0.88	1.68	14	1
1:A:115:LEU:O	1:A:119:GLU:OE1	0.88	1.90	20	2
1:A:46:THR:O	1:A:50:VAL:HG22	0.87	1.67	6	11
1:A:63:LEU:HD21	1:A:98:HIS:CE1	0.87	2.05	5	1
1:A:31:HIS:NE2	1:A:61:GLU:OE2	0.87	2.07	20	1
1:A:38:ASP:OD1	1:A:38:ASP:O	0.87	1.93	2	1
1:A:95:LEU:HD22	1:A:96:VAL:N	0.87	1.83	19	1
1:A:127:PHE:CE1	1:A:131:GLU:CD	0.87	2.48	6	2
1:A:26:VAL:HG11	1:A:61:GLU:OE1	0.87	1.67	11	2
1:A:14:LEU:CB	1:A:35:VAL:HG21	0.87	2.00	1	4
1:A:155:ASN:CB	1:A:158:ASP:OD1	0.87	2.22	20	4
1:A:27:ARG:CG	1:A:61:GLU:CD	0.86	2.41	10	2
1:A:94:VAL:N	1:A:97:GLU:OE1	0.86	2.07	18	1
1:A:130:PRO:HA	1:A:134:LEU:HD11	0.86	1.48	17	3
1:A:89:LEU:HD21	1:A:127:PHE:CD2	0.85	2.05	4	7
1:A:56:PRO:HG2	1:A:90:ASP:OD1	0.85	1.68	15	1
1:A:104:ALA:C	1:A:105:LEU:HD23	0.85	1.91	15	2
1:A:111:LEU:HD23	1:A:112:PRO:HD2	0.85	1.49	2	4
1:A:70:ASN:ND2	1:A:101:ASP:OD1	0.85	2.10	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:126:SER:HB2	1:A:159:ILE:HG21	0.85	1.45	18	13
1:A:146:GLU:OE1	1:A:146:GLU:CA	0.85	2.23	11	1
1:A:137:ARG:CG	1:A:143:THR:HG23	0.84	2.02	8	1
1:A:78:SER:OG	1:A:101:ASP:OD2	0.84	1.93	16	2
1:A:24:GLN:C	1:A:25:GLU:OE1	0.84	2.15	13	1
1:A:80:VAL:CG1	1:A:100:ALA:HB1	0.84	2.03	20	2
1:A:119:GLU:OE1	1:A:121:HIS:CD2	0.84	2.29	7	1
1:A:53:PHE:CD2	1:A:95:LEU:HD21	0.84	2.08	5	14
1:A:145:LEU:O	1:A:145:LEU:HD12	0.84	1.72	13	1
1:A:95:LEU:HD12	1:A:96:VAL:N	0.84	1.87	16	4
1:A:49:GLN:HB3	1:A:71:VAL:HG21	0.84	1.49	5	1
1:A:30:LEU:HD22	1:A:65:GLN:HG2	0.84	1.50	16	5
1:A:89:LEU:HD22	1:A:123:SER:HB2	0.83	1.48	1	2
1:A:105:LEU:HD13	1:A:105:LEU:N	0.83	1.88	14	2
1:A:128:LEU:HD13	1:A:129:ALA:N	0.83	1.88	19	1
1:A:26:VAL:HG21	1:A:58:VAL:HA	0.83	1.50	18	14
1:A:27:ARG:CG	1:A:61:GLU:OE2	0.83	2.25	3	2
1:A:77:THR:CB	1:A:106:ASP:OD2	0.83	2.26	19	2
1:A:40:LEU:HD23	1:A:45:LYS:O	0.83	1.72	20	1
1:A:106:ASP:OD1	1:A:106:ASP:N	0.83	2.11	10	1
1:A:97:GLU:CA	1:A:131:GLU:OE2	0.82	2.26	9	1
1:A:126:SER:CB	1:A:159:ILE:HG21	0.82	2.03	1	17
1:A:129:ALA:HB3	1:A:130:PRO:HD3	0.82	1.51	16	20
1:A:27:ARG:HB3	1:A:61:GLU:OE2	0.82	1.74	11	1
1:A:55:SER:O	1:A:58:VAL:HG12	0.82	1.73	15	2
1:A:156:LEU:HA	1:A:159:ILE:HD12	0.82	1.48	19	10
1:A:114:HIS:ND1	1:A:138:ASP:OD2	0.82	2.13	18	1
1:A:53:PHE:CD2	1:A:83:ALA:HB2	0.82	2.08	9	8
1:A:30:LEU:HD11	1:A:62:LEU:HD23	0.82	1.52	19	1
1:A:26:VAL:HG21	1:A:58:VAL:CG1	0.82	2.05	11	1
1:A:27:ARG:N	1:A:61:GLU:OE2	0.82	2.13	11	2
1:A:24:GLN:CB	1:A:25:GLU:OE1	0.82	2.28	16	3
1:A:14:LEU:HD23	1:A:36:HIS:O	0.82	1.74	6	1
1:A:106:ASP:N	1:A:106:ASP:OD1	0.81	2.09	20	2
1:A:57:ALA:HB1	1:A:61:GLU:OE2	0.81	1.75	4	3
1:A:80:VAL:HG21	1:A:102:VAL:CG1	0.81	2.04	5	1
1:A:155:ASN:CA	1:A:158:ASP:CG	0.81	2.48	9	2
1:A:76:GLY:O	1:A:106:ASP:CG	0.81	2.18	19	2
1:A:22:ASP:CG	1:A:25:GLU:CD	0.81	2.28	4	1
1:A:56:PRO:CD	1:A:90:ASP:OD2	0.81	2.29	8	1
1:A:92:LEU:HD23	1:A:96:VAL:HG11	0.81	1.50	16	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:14:LEU:HB2	1:A:35:VAL:HG11	0.81	1.52	16	8
1:A:160:LEU:N	1:A:160:LEU:HD23	0.80	1.91	20	11
1:A:134:LEU:HD13	1:A:164:MET:HA	0.80	1.49	7	9
1:A:111:LEU:CD1	1:A:133:ASP:OD1	0.80	2.29	5	1
1:A:89:LEU:HD13	1:A:89:LEU:O	0.80	1.74	9	4
1:A:92:LEU:HD23	1:A:93:LYS:N	0.80	1.91	5	8
1:A:151:ARG:O	1:A:156:LEU:HD11	0.80	1.76	18	3
1:A:80:VAL:HG21	1:A:101:ASP:O	0.80	1.75	1	2
1:A:83:ALA:CB	1:A:92:LEU:HD13	0.80	2.05	20	6
1:A:148:ALA:HB2	1:A:160:LEU:HD11	0.80	1.50	5	4
1:A:38:ASP:O	1:A:40:LEU:HD12	0.80	1.76	16	4
1:A:143:THR:OG1	1:A:146:GLU:OE2	0.80	2.00	20	2
1:A:26:VAL:HG11	1:A:61:GLU:CD	0.80	1.97	8	1
1:A:116:ALA:N	1:A:119:GLU:OE2	0.80	2.15	7	1
1:A:90:ASP:C	1:A:90:ASP:OD1	0.79	2.18	3	1
1:A:134:LEU:N	1:A:134:LEU:HD12	0.79	1.92	8	1
1:A:27:ARG:CB	1:A:61:GLU:OE2	0.79	2.30	11	2
1:A:17:ALA:O	1:A:22:ASP:OD1	0.79	2.01	11	5
1:A:25:GLU:OE1	1:A:25:GLU:CA	0.79	2.30	13	1
1:A:142:LEU:HD13	1:A:147:LEU:HD13	0.79	1.53	14	1
1:A:48:LEU:HD23	1:A:69:PRO:HA	0.79	1.53	5	3
1:A:77:THR:HG23	1:A:106:ASP:OD2	0.79	1.78	8	1
1:A:116:ALA:C	1:A:125:VAL:HG12	0.79	1.98	6	2
1:A:90:ASP:OD1	1:A:91:THR:OG1	0.79	1.98	8	4
1:A:151:ARG:O	1:A:156:LEU:HD12	0.79	1.77	1	4
1:A:30:LEU:HD13	1:A:30:LEU:N	0.79	1.92	14	3
1:A:121:HIS:O	1:A:125:VAL:HG22	0.79	1.78	15	1
1:A:14:LEU:HD12	1:A:29:LEU:HD13	0.79	1.55	10	1
1:A:153:ALA:HB3	1:A:154:GLN:OE1	0.78	1.78	10	3
1:A:76:GLY:HA3	1:A:106:ASP:OD2	0.78	1.78	15	1
1:A:30:LEU:HD12	1:A:61:GLU:HB3	0.78	1.55	8	2
1:A:59:ALA:O	1:A:63:LEU:HD12	0.78	1.79	1	2
1:A:23:VAL:HG23	1:A:57:ALA:HB3	0.78	1.54	12	3
1:A:76:GLY:C	1:A:106:ASP:CG	0.78	2.42	19	2
1:A:160:LEU:HD23	1:A:160:LEU:N	0.78	1.93	9	4
1:A:117:ILE:HG21	1:A:147:LEU:HB3	0.78	1.55	9	10
1:A:12:ASP:OD1	1:A:12:ASP:N	0.78	2.14	10	3
1:A:33:GLU:CD	1:A:35:VAL:CG1	0.78	2.44	20	2
1:A:14:LEU:HD22	1:A:30:LEU:HD21	0.78	1.56	8	2
1:A:148:ALA:HB1	1:A:156:LEU:HD13	0.78	1.56	3	1
1:A:129:ALA:HB3	1:A:130:PRO:CD	0.77	2.09	14	20

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:138:ASP:OD2	1:A:140:SER:HB3	0.77	1.77	15	1
1:A:105:LEU:HD21	1:A:111:LEU:HG	0.77	1.56	10	3
1:A:24:GLN:HB2	1:A:25:GLU:OE1	0.77	1.78	16	2
1:A:20:ARG:HG3	1:A:22:ASP:OD2	0.77	1.76	12	1
1:A:57:ALA:CB	1:A:61:GLU:OE1	0.77	2.32	3	1
1:A:57:ALA:C	1:A:61:GLU:OE1	0.77	2.22	3	3
1:A:40:LEU:HD12	1:A:40:LEU:N	0.77	1.94	13	2
1:A:60:LEU:O	1:A:60:LEU:HD12	0.77	1.80	12	1
1:A:10:VAL:CG1	1:A:35:VAL:HG12	0.77	2.10	12	1
1:A:115:LEU:HD23	1:A:115:LEU:N	0.77	1.94	14	7
1:A:93:LYS:O	1:A:97:GLU:OE2	0.77	2.03	18	5
1:A:63:LEU:HD12	1:A:64:LYS:N	0.77	1.93	7	3
1:A:78:SER:HB2	1:A:101:ASP:OD2	0.77	1.80	5	1
1:A:103:ASN:ND2	1:A:133:ASP:OD2	0.77	2.17	3	1
1:A:25:GLU:CD	1:A:25:GLU:N	0.76	2.39	16	2
1:A:104:ALA:O	1:A:105:LEU:HD23	0.76	1.80	10	4
1:A:38:ASP:CG	1:A:39:ALA:H	0.76	1.83	6	1
1:A:155:ASN:C	1:A:158:ASP:CG	0.76	2.44	9	1
1:A:30:LEU:HD11	1:A:62:LEU:HA	0.76	1.58	7	3
1:A:105:LEU:HD12	1:A:111:LEU:HA	0.76	1.56	14	2
1:A:145:LEU:HD11	1:A:161:GLN:CG	0.76	2.11	10	1
1:A:89:LEU:HD11	1:A:127:PHE:CG	0.75	2.16	12	5
1:A:10:VAL:HG21	1:A:35:VAL:HG23	0.75	1.58	18	1
1:A:59:ALA:HB1	1:A:95:LEU:HB3	0.75	1.58	11	2
1:A:26:VAL:HB	1:A:58:VAL:HG22	0.75	1.57	17	4
1:A:13:ARG:HD3	1:A:33:GLU:OE2	0.75	1.81	9	1
1:A:30:LEU:HD22	1:A:65:GLN:HG3	0.75	1.56	3	3
1:A:59:ALA:HB2	1:A:91:THR:CG2	0.74	2.12	13	13
1:A:113:ILE:HD12	1:A:128:LEU:C	0.74	2.02	14	4
1:A:76:GLY:O	1:A:106:ASP:OD1	0.74	2.04	13	2
1:A:26:VAL:CB	1:A:58:VAL:HG22	0.74	2.12	17	3
1:A:59:ALA:HB3	1:A:94:VAL:CG1	0.74	2.13	11	1
1:A:33:GLU:OE2	1:A:35:VAL:HG12	0.74	1.82	20	2
1:A:76:GLY:CA	1:A:106:ASP:OD2	0.74	2.31	15	1
1:A:14:LEU:HD11	1:A:62:LEU:CD2	0.74	2.12	2	2
1:A:97:GLU:OE2	1:A:98:HIS:CG	0.74	2.40	15	1
1:A:23:VAL:HG23	1:A:57:ALA:CB	0.74	2.13	15	3
1:A:36:HIS:HD1	1:A:38:ASP:CG	0.74	1.85	6	2
1:A:111:LEU:HD11	1:A:136:HIS:HB3	0.74	1.59	1	1
1:A:53:PHE:CE2	1:A:95:LEU:HD11	0.74	2.17	1	1
1:A:33:GLU:OE1	1:A:33:GLU:O	0.74	2.05	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:85:ARG:HA	1:A:119:GLU:CD	0.74	2.02	7	2
1:A:26:VAL:O	1:A:61:GLU:CD	0.74	2.26	5	1
1:A:148:ALA:HB1	1:A:157:MET:HA	0.73	1.57	6	10
1:A:106:ASP:OD1	1:A:106:ASP:O	0.73	2.05	18	1
1:A:101:ASP:N	1:A:101:ASP:OD1	0.73	2.20	12	3
1:A:94:VAL:C	1:A:97:GLU:CD	0.73	2.46	13	2
1:A:60:LEU:O	1:A:60:LEU:HD23	0.73	1.83	17	2
1:A:138:ASP:CG	1:A:139:ALA:N	0.73	2.41	11	1
1:A:77:THR:OG1	1:A:106:ASP:CG	0.73	2.26	19	1
1:A:77:THR:HG22	1:A:81:HIS:HB3	0.73	1.59	16	1
1:A:51:MET:HE1	1:A:95:LEU:HD22	0.73	1.57	13	3
1:A:99:GLY:O	1:A:102:VAL:HG13	0.73	1.83	9	1
1:A:148:ALA:HB2	1:A:160:LEU:CD1	0.73	2.13	2	5
1:A:24:GLN:HB3	1:A:25:GLU:OE1	0.73	1.84	13	1
1:A:105:LEU:HD13	1:A:109:GLY:HA2	0.73	1.58	17	8
1:A:143:THR:HG22	1:A:144:PRO:HD2	0.73	1.59	14	1
1:A:111:LEU:HD22	1:A:133:ASP:OD1	0.73	1.81	5	2
1:A:14:LEU:CB	1:A:35:VAL:HG11	0.73	2.13	16	5
1:A:40:LEU:HD13	1:A:40:LEU:N	0.73	1.98	19	1
1:A:80:VAL:HG12	1:A:96:VAL:HG23	0.73	1.61	11	1
1:A:59:ALA:HB2	1:A:91:THR:OG1	0.73	1.84	16	1
1:A:87:GLY:CA	1:A:124:VAL:HG21	0.72	2.13	20	1
1:A:93:LYS:C	1:A:97:GLU:CD	0.72	2.48	13	4
1:A:105:LEU:HD21	1:A:111:LEU:HD12	0.72	1.60	11	5
1:A:77:THR:OG1	1:A:106:ASP:OD1	0.72	2.06	19	1
1:A:26:VAL:O	1:A:30:LEU:HD22	0.72	1.84	10	2
1:A:96:VAL:HG11	1:A:131:GLU:OE1	0.72	1.83	3	1
1:A:70:ASN:OD1	1:A:101:ASP:OD1	0.72	2.07	2	1
1:A:96:VAL:HG13	1:A:102:VAL:HG11	0.72	1.60	15	4
1:A:156:LEU:C	1:A:156:LEU:HD12	0.72	2.04	8	4
1:A:153:ALA:HB3	1:A:156:LEU:HG	0.72	1.61	13	1
1:A:17:ALA:HB3	1:A:29:LEU:HD11	0.72	1.61	16	2
1:A:113:ILE:HG21	1:A:136:HIS:CE1	0.72	2.20	10	1
1:A:83:ALA:C	1:A:92:LEU:HD12	0.72	2.05	19	3
1:A:90:ASP:OD1	1:A:90:ASP:C	0.71	2.29	4	3
1:A:110:SER:N	1:A:138:ASP:OD1	0.71	2.22	18	3
1:A:127:PHE:C	1:A:131:GLU:OE1	0.71	2.28	13	2
1:A:14:LEU:HB2	1:A:35:VAL:HG21	0.71	1.61	1	5
1:A:127:PHE:CG	1:A:131:GLU:CD	0.71	2.62	6	1
1:A:17:ALA:CB	1:A:29:LEU:HD11	0.71	2.15	17	7
1:A:33:GLU:OE1	1:A:35:VAL:HB	0.71	1.85	19	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:96:VAL:HA	1:A:100:ALA:HB3	0.71	1.61	5	6
1:A:60:LEU:HD23	1:A:60:LEU:O	0.71	1.85	11	2
1:A:113:ILE:HB	1:A:128:LEU:HD21	0.71	1.60	19	1
1:A:133:ASP:OD1	1:A:133:ASP:N	0.71	2.20	11	3
1:A:92:LEU:HD23	1:A:92:LEU:C	0.71	2.06	19	5
1:A:110:SER:HG	1:A:114:HIS:CE1	0.71	2.03	9	1
1:A:22:ASP:OD1	1:A:25:GLU:HG3	0.71	1.85	5	1
1:A:126:SER:HB3	1:A:159:ILE:HG21	0.71	1.61	19	9
1:A:159:ILE:HG22	1:A:160:LEU:HD23	0.71	1.63	20	2
1:A:59:ALA:HB2	1:A:91:THR:HG22	0.70	1.61	17	9
1:A:113:ILE:HD12	1:A:129:ALA:HA	0.70	1.63	5	6
1:A:68:SER:O	1:A:71:VAL:HG13	0.70	1.85	7	7
1:A:37:PRO:HB2	1:A:67:ALA:HB2	0.70	1.63	8	4
1:A:89:LEU:HD21	1:A:127:PHE:CG	0.70	2.21	13	6
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:HD12	0.70	2.01	17	1
1:A:93:LYS:O	1:A:97:GLU:HG3	0.70	1.86	11	3
1:A:89:LEU:HD22	1:A:93:LYS:HD3	0.70	1.62	4	1
1:A:40:LEU:HD12	1:A:46:THR:HA	0.70	1.64	19	1
1:A:18:ALA:HB1	1:A:62:LEU:HD11	0.70	1.63	2	3
1:A:60:LEU:HD21	1:A:64:LYS:HD2	0.70	1.63	10	1
1:A:80:VAL:HG12	1:A:96:VAL:HG22	0.70	1.64	1	4
1:A:92:LEU:C	1:A:92:LEU:HD23	0.70	2.07	17	6
1:A:22:ASP:OD2	1:A:25:GLU:HG3	0.70	1.84	9	1
1:A:13:ARG:HD2	1:A:33:GLU:OE1	0.70	1.86	18	1
1:A:79:PRO:HA	1:A:82:ASP:OD1	0.69	1.85	16	1
1:A:119:GLU:OE1	1:A:121:HIS:HD2	0.69	1.70	7	1
1:A:116:ALA:C	1:A:119:GLU:OE1	0.69	2.30	20	2
1:A:30:LEU:HD22	1:A:65:GLN:CD	0.69	2.06	13	1
1:A:85:ARG:C	1:A:119:GLU:OE2	0.69	2.31	19	1
1:A:153:ALA:CB	1:A:156:LEU:HD22	0.69	2.14	12	1
1:A:133:ASP:OD2	1:A:136:HIS:HB3	0.69	1.87	5	1
1:A:63:LEU:HD12	1:A:63:LEU:C	0.69	2.08	7	2
1:A:78:SER:CB	1:A:101:ASP:OD2	0.69	2.39	5	2
1:A:105:LEU:CD2	1:A:111:LEU:HD23	0.69	2.18	20	1
1:A:155:ASN:C	1:A:158:ASP:OD2	0.69	2.30	9	1
1:A:113:ILE:HD12	1:A:128:LEU:HB3	0.69	1.63	6	1
1:A:14:LEU:HB3	1:A:35:VAL:HG21	0.69	1.65	1	1
1:A:82:ASP:OD1	1:A:83:ALA:N	0.69	2.25	11	8
1:A:48:LEU:HD23	1:A:51:MET:SD	0.69	2.28	16	2
1:A:80:VAL:CG1	1:A:100:ALA:HB3	0.69	2.18	9	2
1:A:14:LEU:HA	1:A:29:LEU:HD12	0.69	1.64	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:36:HIS:ND1	1:A:38:ASP:OD2	0.69	2.25	2	1
1:A:22:ASP:OD1	1:A:25:GLU:OE2	0.69	2.11	7	1
1:A:80:VAL:HG22	1:A:96:VAL:CG2	0.69	2.18	6	2
1:A:138:ASP:OD1	1:A:139:ALA:N	0.69	2.26	15	2
1:A:105:LEU:N	1:A:105:LEU:HD23	0.69	2.02	15	1
1:A:101:ASP:O	1:A:101:ASP:CG	0.68	2.29	16	2
1:A:90:ASP:CG	1:A:91:THR:N	0.68	2.44	12	8
1:A:60:LEU:C	1:A:60:LEU:HD23	0.68	2.08	5	3
1:A:117:ILE:HD13	1:A:147:LEU:HB3	0.68	1.63	3	3
1:A:10:VAL:HG12	1:A:39:ALA:HB2	0.68	1.64	20	1
1:A:30:LEU:HD12	1:A:61:GLU:CD	0.68	2.08	5	1
1:A:137:ARG:HG2	1:A:143:THR:HG23	0.68	1.65	8	2
1:A:30:LEU:HD23	1:A:35:VAL:HG23	0.68	1.66	20	2
1:A:96:VAL:HG13	1:A:102:VAL:CG1	0.68	2.18	8	4
1:A:89:LEU:HD13	1:A:89:LEU:C	0.68	2.09	11	1
1:A:142:LEU:HD23	1:A:146:GLU:CD	0.68	2.09	12	1
1:A:89:LEU:HD23	1:A:127:PHE:CD2	0.68	2.24	20	1
1:A:137:ARG:HG3	1:A:143:THR:HG22	0.68	1.64	2	3
1:A:142:LEU:O	1:A:143:THR:HG23	0.68	1.88	13	1
1:A:142:LEU:CD2	1:A:146:GLU:CD	0.67	2.59	12	1
1:A:78:SER:HG	1:A:101:ASP:CG	0.67	1.93	5	2
1:A:48:LEU:HD21	1:A:69:PRO:HA	0.67	1.65	10	1
1:A:156:LEU:HD23	1:A:159:ILE:CD1	0.67	2.17	17	1
1:A:141:GLY:O	1:A:142:LEU:HD23	0.67	1.90	7	1
1:A:26:VAL:C	1:A:61:GLU:OE2	0.67	2.33	5	1
1:A:97:GLU:N	1:A:97:GLU:OE1	0.67	2.27	12	3
1:A:116:ALA:O	1:A:125:VAL:HG22	0.67	1.90	11	11
1:A:89:LEU:HG	1:A:124:VAL:HG22	0.67	1.66	2	1
1:A:155:ASN:HA	1:A:158:ASP:CG	0.67	2.10	12	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:44:GLY:O	0.67	1.90	13	3
1:A:83:ALA:O	1:A:92:LEU:HD12	0.67	1.88	5	2
1:A:134:LEU:HD13	1:A:164:MET:HG2	0.67	1.67	5	1
1:A:62:LEU:C	1:A:62:LEU:HD12	0.67	2.11	3	4
1:A:29:LEU:HD23	1:A:33:GLU:OE1	0.67	1.88	4	3
1:A:145:LEU:HD12	1:A:164:MET:CE	0.67	2.20	11	2
1:A:62:LEU:HD12	1:A:62:LEU:C	0.67	2.10	7	3
1:A:26:VAL:HG12	1:A:61:GLU:OE1	0.66	1.75	11	1
1:A:85:ARG:O	1:A:119:GLU:OE2	0.66	2.13	19	1
1:A:77:THR:HG22	1:A:81:HIS:CB	0.66	2.20	16	1
1:A:148:ALA:HB2	1:A:160:LEU:HD12	0.66	1.65	2	1
1:A:30:LEU:HA	1:A:35:VAL:HG22	0.66	1.68	15	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:THR:CG2	1:A:106:ASP:OD2	0.66	2.43	8	2
1:A:14:LEU:C	1:A:14:LEU:HD13	0.66	2.10	19	4
1:A:89:LEU:HD22	1:A:93:LYS:CE	0.66	2.20	2	1
1:A:14:LEU:CD2	1:A:35:VAL:HG11	0.66	2.16	18	1
1:A:127:PHE:CG	1:A:131:GLU:OE2	0.66	2.47	3	4
1:A:102:VAL:HG22	1:A:102:VAL:O	0.66	1.91	1	1
1:A:17:ALA:HB3	1:A:29:LEU:CD1	0.66	2.20	16	1
1:A:101:ASP:C	1:A:101:ASP:OD1	0.66	2.34	16	1
1:A:87:GLY:HA2	1:A:124:VAL:HG21	0.66	1.68	20	1
1:A:26:VAL:CG2	1:A:58:VAL:HG22	0.66	2.21	17	4
1:A:127:PHE:CD1	1:A:131:GLU:OE1	0.66	2.45	13	2
1:A:105:LEU:HD22	1:A:110:SER:C	0.66	2.11	9	2
1:A:113:ILE:CD1	1:A:117:ILE:HD11	0.66	2.19	10	1
1:A:46:THR:O	1:A:50:VAL:HG12	0.66	1.89	13	2
1:A:145:LEU:HD13	1:A:161:GLN:HG2	0.66	1.65	13	1
1:A:134:LEU:HD13	1:A:164:MET:CG	0.65	2.21	5	1
1:A:144:PRO:O	1:A:160:LEU:HD12	0.65	1.91	3	4
1:A:138:ASP:CG	1:A:139:ALA:H	0.65	1.92	11	1
1:A:117:ILE:HB	1:A:147:LEU:HD23	0.65	1.67	4	1
1:A:23:VAL:O	1:A:26:VAL:HG12	0.65	1.91	18	5
1:A:94:VAL:N	1:A:97:GLU:OE2	0.65	2.29	10	2
1:A:115:LEU:C	1:A:119:GLU:OE1	0.65	2.34	20	1
1:A:128:LEU:HA	1:A:131:GLU:OE1	0.65	1.91	13	1
1:A:109:GLY:O	1:A:138:ASP:CG	0.65	2.35	16	2
1:A:133:ASP:CG	1:A:133:ASP:O	0.65	2.33	20	2
1:A:156:LEU:HD12	1:A:160:LEU:HD13	0.65	1.68	4	2
1:A:51:MET:HE3	1:A:53:PHE:CE1	0.65	2.26	18	1
1:A:137:ARG:HG3	1:A:143:THR:HG23	0.65	1.67	8	2
1:A:22:ASP:HB3	1:A:25:GLU:OE1	0.65	1.86	4	1
1:A:77:THR:CA	1:A:106:ASP:CG	0.65	2.65	19	1
1:A:14:LEU:HD13	1:A:14:LEU:C	0.65	2.12	16	3
1:A:146:GLU:OE1	1:A:150:GLN:OE1	0.65	2.13	15	1
1:A:83:ALA:HB1	1:A:92:LEU:HD13	0.65	1.68	11	2
1:A:25:GLU:N	1:A:25:GLU:CD	0.65	2.50	7	1
1:A:11:GLY:CA	1:A:39:ALA:HB1	0.65	2.22	12	8
1:A:105:LEU:HD23	1:A:111:LEU:HA	0.65	1.69	4	4
1:A:112:PRO:HB2	1:A:128:LEU:HD11	0.64	1.67	3	1
1:A:30:LEU:HD23	1:A:35:VAL:CG2	0.64	2.21	20	1
1:A:137:ARG:CG	1:A:143:THR:HG22	0.64	2.22	2	2
1:A:22:ASP:OD1	1:A:25:GLU:HB2	0.64	1.93	13	2
1:A:128:LEU:HD13	1:A:128:LEU:C	0.64	2.11	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:93:LYS:CB	1:A:127:PHE:CZ	0.64	2.80	5	2
1:A:89:LEU:CD2	1:A:127:PHE:CD2	0.64	2.81	11	4
1:A:105:LEU:HD22	1:A:111:LEU:N	0.64	2.08	9	2
1:A:91:THR:HG22	1:A:95:LEU:HD23	0.64	1.69	9	1
1:A:72:GLN:HB3	1:A:106:ASP:OD2	0.64	1.93	18	1
1:A:10:VAL:CG2	1:A:35:VAL:HG12	0.64	2.22	2	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:44:GLY:C	0.64	2.13	4	3
1:A:10:VAL:HG12	1:A:39:ALA:HB1	0.64	1.70	16	1
1:A:105:LEU:HD11	1:A:136:HIS:NE2	0.64	2.07	17	1
1:A:117:ILE:HG23	1:A:156:LEU:HD22	0.64	1.68	3	1
1:A:11:GLY:N	1:A:39:ALA:HB1	0.64	2.08	20	3
1:A:124:VAL:O	1:A:128:LEU:HD23	0.64	1.92	5	1
1:A:53:PHE:CE2	1:A:83:ALA:CB	0.64	2.81	11	14
1:A:89:LEU:CD1	1:A:127:PHE:CG	0.64	2.81	19	3
1:A:127:PHE:CE2	1:A:131:GLU:OE2	0.64	2.51	16	1
1:A:127:PHE:CZ	1:A:131:GLU:OE2	0.63	2.51	16	3
1:A:14:LEU:HD11	1:A:62:LEU:HD21	0.63	1.69	2	3
1:A:27:ARG:CB	1:A:31:HIS:CD2	0.63	2.81	13	1
1:A:115:LEU:C	1:A:119:GLU:OE2	0.63	2.35	7	2
1:A:40:LEU:HD12	1:A:45:LYS:O	0.63	1.92	19	1
1:A:36:HIS:CE1	1:A:38:ASP:OD2	0.63	2.51	2	2
1:A:145:LEU:C	1:A:145:LEU:HD12	0.63	2.14	13	1
1:A:79:PRO:O	1:A:82:ASP:OD2	0.63	2.17	20	1
1:A:85:ARG:HD2	1:A:119:GLU:OE2	0.62	1.94	11	1
1:A:89:LEU:CD1	1:A:127:PHE:CD2	0.62	2.82	17	5
1:A:14:LEU:CD1	1:A:47:ALA:HB2	0.62	2.24	19	1
1:A:114:HIS:HA	1:A:117:ILE:HD12	0.62	1.69	3	2
1:A:117:ILE:HA	1:A:125:VAL:HG11	0.62	1.71	8	9
1:A:127:PHE:CD2	1:A:131:GLU:OE2	0.62	2.52	16	1
1:A:113:ILE:HA	1:A:128:LEU:HD21	0.62	1.69	13	1
1:A:141:GLY:O	1:A:146:GLU:CD	0.62	2.36	18	1
1:A:39:ALA:C	1:A:40:LEU:HD13	0.62	2.14	19	1
1:A:26:VAL:HG11	1:A:58:VAL:HA	0.62	1.71	8	2
1:A:124:VAL:HG12	1:A:128:LEU:HD12	0.62	1.69	6	1
1:A:60:LEU:C	1:A:60:LEU:HD12	0.62	2.14	12	1
1:A:62:LEU:HD12	1:A:62:LEU:O	0.62	1.93	13	3
1:A:70:ASN:CB	1:A:101:ASP:OD2	0.62	2.46	9	1
1:A:144:PRO:O	1:A:160:LEU:HD22	0.62	1.94	11	1
1:A:23:VAL:CG2	1:A:57:ALA:HB3	0.62	2.25	12	2
1:A:158:ASP:N	1:A:158:ASP:OD1	0.62	2.31	13	2
1:A:142:LEU:HB2	1:A:146:GLU:OE1	0.61	1.92	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:95:LEU:C	1:A:95:LEU:HD22	0.61	2.14	19	1
1:A:29:LEU:CD2	1:A:33:GLU:CD	0.61	2.68	11	1
1:A:85:ARG:HD2	1:A:119:GLU:CD	0.61	2.15	11	1
1:A:132:SER:O	1:A:134:LEU:HD12	0.61	1.95	1	1
1:A:85:ARG:CD	1:A:119:GLU:OE2	0.61	2.48	11	2
1:A:14:LEU:CD2	1:A:30:LEU:HD21	0.61	2.25	8	1
1:A:116:ALA:HB1	1:A:125:VAL:HG22	0.61	1.70	2	6
1:A:78:SER:CB	1:A:79:PRO:CD	0.61	2.78	20	9
1:A:148:ALA:HB1	1:A:157:MET:N	0.61	2.09	16	4
1:A:11:GLY:HA2	1:A:39:ALA:HB1	0.61	1.73	4	10
1:A:160:LEU:N	1:A:160:LEU:CD2	0.61	2.63	2	9
1:A:13:ARG:CD	1:A:33:GLU:OE2	0.61	2.48	9	1
1:A:42:ARG:NH1	1:A:43:PHE:CD2	0.61	2.69	15	1
1:A:125:VAL:O	1:A:129:ALA:HB2	0.61	1.95	19	2
1:A:53:PHE:CD2	1:A:92:LEU:CD1	0.61	2.84	4	1
1:A:114:HIS:CE1	1:A:138:ASP:HB2	0.61	2.31	2	2
1:A:89:LEU:HD22	1:A:92:LEU:HD22	0.61	1.72	15	1
1:A:145:LEU:HD11	1:A:161:GLN:HG2	0.61	1.73	10	1
1:A:38:ASP:CG	1:A:39:ALA:N	0.61	2.51	6	1
1:A:89:LEU:HD22	1:A:123:SER:CB	0.61	2.26	6	3
1:A:59:ALA:HB3	1:A:94:VAL:HG11	0.61	1.73	1	2
1:A:56:PRO:HA	1:A:91:THR:HG23	0.61	1.73	14	4
1:A:10:VAL:CG1	1:A:39:ALA:HB1	0.61	2.25	16	1
1:A:125:VAL:CG2	1:A:156:LEU:HD21	0.61	2.23	20	2
1:A:134:LEU:HD22	1:A:164:MET:SD	0.61	2.36	14	1
1:A:14:LEU:HD12	1:A:29:LEU:HD12	0.61	1.71	14	1
1:A:38:ASP:OD1	1:A:38:ASP:C	0.61	2.39	2	1
1:A:113:ILE:CB	1:A:128:LEU:HD21	0.61	2.26	19	1
1:A:106:ASP:OD1	1:A:106:ASP:C	0.61	2.39	18	1
1:A:11:GLY:O	1:A:39:ALA:HB1	0.60	1.95	1	2
1:A:26:VAL:CG2	1:A:58:VAL:HG12	0.60	2.26	4	2
1:A:56:PRO:HD3	1:A:90:ASP:OD2	0.60	1.95	8	2
1:A:59:ALA:HB2	1:A:91:THR:HG23	0.60	1.71	13	6
1:A:19:ALA:HB2	1:A:50:VAL:O	0.60	1.95	19	2
1:A:26:VAL:HG21	1:A:58:VAL:CA	0.60	2.26	7	8
1:A:22:ASP:O	1:A:22:ASP:OD1	0.60	2.20	13	1
1:A:48:LEU:HD23	1:A:69:PRO:CA	0.60	2.24	5	2
1:A:33:GLU:OE1	1:A:35:VAL:CB	0.60	2.47	6	1
1:A:48:LEU:HD23	1:A:51:MET:HE2	0.60	1.72	7	1
1:A:12:ASP:N	1:A:12:ASP:OD1	0.60	2.35	2	1
1:A:138:ASP:O	1:A:139:ALA:HB3	0.60	1.96	17	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:100:ALA:O	1:A:102:VAL:HG13	0.60	1.97	15	3
1:A:133:ASP:O	1:A:133:ASP:OD1	0.60	2.19	20	2
1:A:93:LYS:C	1:A:97:GLU:OE2	0.60	2.40	10	2
1:A:53:PHE:CE2	1:A:95:LEU:CD2	0.60	2.80	15	9
1:A:27:ARG:CA	1:A:61:GLU:OE1	0.60	2.50	17	1
1:A:113:ILE:N	1:A:128:LEU:HD22	0.60	2.11	12	1
1:A:114:HIS:CD2	1:A:147:LEU:HD12	0.60	2.31	18	2
1:A:153:ALA:O	1:A:154:GLN:CG	0.60	2.50	17	1
1:A:25:GLU:CD	1:A:29:LEU:HD12	0.60	2.16	5	1
1:A:53:PHE:HE2	1:A:95:LEU:HD21	0.60	1.54	4	5
1:A:145:LEU:HD11	1:A:161:GLN:HG3	0.59	1.73	10	1
1:A:153:ALA:O	1:A:154:GLN:CB	0.59	2.50	17	4
1:A:55:SER:HB2	1:A:58:VAL:HG23	0.59	1.74	8	1
1:A:135:HIS:O	1:A:143:THR:HG22	0.59	1.97	8	1
1:A:30:LEU:HD22	1:A:65:GLN:NE2	0.59	2.12	13	2
1:A:133:ASP:O	1:A:133:ASP:CG	0.59	2.40	10	2
1:A:60:LEU:O	1:A:60:LEU:HD13	0.59	1.97	9	1
1:A:22:ASP:CB	1:A:25:GLU:CD	0.59	2.68	18	1
1:A:95:LEU:CD1	1:A:96:VAL:HG23	0.59	2.27	8	1
1:A:90:ASP:OD1	1:A:91:THR:CA	0.59	2.49	5	2
1:A:121:HIS:CB	1:A:124:VAL:HG23	0.59	2.28	18	3
1:A:51:MET:HG3	1:A:62:LEU:HD23	0.59	1.73	10	1
1:A:60:LEU:HD23	1:A:60:LEU:C	0.59	2.18	16	2
1:A:143:THR:CB	1:A:144:PRO:CD	0.59	2.80	7	11
1:A:62:LEU:O	1:A:62:LEU:HD12	0.59	1.97	17	1
1:A:80:VAL:HG21	1:A:102:VAL:HA	0.59	1.72	17	1
1:A:116:ALA:C	1:A:125:VAL:HG22	0.59	2.18	9	11
1:A:48:LEU:CD1	1:A:62:LEU:HD11	0.59	2.28	13	2
1:A:121:HIS:CB	1:A:124:VAL:CG2	0.59	2.80	13	3
1:A:156:LEU:O	1:A:160:LEU:HD13	0.59	1.97	14	1
1:A:160:LEU:CD2	1:A:160:LEU:N	0.59	2.66	13	5
1:A:15:SER:CB	1:A:50:VAL:HG21	0.59	2.28	12	2
1:A:117:ILE:HG21	1:A:147:LEU:HD13	0.59	1.75	10	1
1:A:51:MET:CE	1:A:95:LEU:HD22	0.59	2.27	13	1
1:A:101:ASP:O	1:A:101:ASP:OD1	0.59	2.21	13	1
1:A:14:LEU:CD1	1:A:30:LEU:HD11	0.59	2.27	10	1
1:A:49:GLN:HG2	1:A:71:VAL:HG21	0.59	1.75	17	1
1:A:63:LEU:HD21	1:A:69:PRO:CG	0.59	2.27	19	1
1:A:148:ALA:HB1	1:A:157:MET:CA	0.59	2.28	6	7
1:A:92:LEU:HA	1:A:95:LEU:HD11	0.59	1.74	19	1
1:A:105:LEU:HD13	1:A:109:GLY:CA	0.58	2.27	11	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:14:LEU:HD13	1:A:15:SER:N	0.58	2.13	9	4
1:A:48:LEU:CD2	1:A:51:MET:CE	0.58	2.81	7	1
1:A:78:SER:OG	1:A:101:ASP:CG	0.58	2.39	5	1
1:A:79:PRO:CA	1:A:82:ASP:OD1	0.58	2.50	16	1
1:A:14:LEU:HD21	1:A:62:LEU:CD2	0.58	2.28	1	1
1:A:126:SER:CB	1:A:159:ILE:CG2	0.58	2.81	5	14
1:A:27:ARG:O	1:A:31:HIS:CD2	0.58	2.57	16	4
1:A:117:ILE:CG1	1:A:125:VAL:CG1	0.58	2.81	17	7
1:A:125:VAL:HG21	1:A:156:LEU:CD2	0.58	2.25	20	2
1:A:113:ILE:N	1:A:128:LEU:HD12	0.58	2.14	10	3
1:A:56:PRO:HB3	1:A:90:ASP:CG	0.58	2.16	9	1
1:A:81:HIS:ND1	1:A:106:ASP:OD2	0.58	2.37	19	1
1:A:108:THR:O	1:A:139:ALA:HB3	0.58	1.99	11	1
1:A:105:LEU:N	1:A:105:LEU:CD1	0.58	2.61	8	1
1:A:128:LEU:O	1:A:128:LEU:HD12	0.58	1.98	13	1
1:A:48:LEU:HD11	1:A:63:LEU:HD13	0.58	1.74	17	1
1:A:121:HIS:O	1:A:125:VAL:HG23	0.58	1.98	12	3
1:A:14:LEU:HB3	1:A:35:VAL:HG11	0.58	1.75	4	2
1:A:142:LEU:CG	1:A:146:GLU:OE1	0.58	2.51	19	1
1:A:129:ALA:CB	1:A:130:PRO:CD	0.58	2.81	9	18
1:A:94:VAL:HG12	1:A:95:LEU:N	0.58	2.14	1	3
1:A:127:PHE:CZ	1:A:131:GLU:OE1	0.58	2.56	6	2
1:A:116:ALA:N	1:A:119:GLU:OE1	0.58	2.35	20	1
1:A:142:LEU:CA	1:A:146:GLU:OE2	0.58	2.51	19	1
1:A:51:MET:HG3	1:A:62:LEU:HD12	0.58	1.75	15	2
1:A:60:LEU:HD13	1:A:60:LEU:O	0.58	1.99	3	2
1:A:156:LEU:HD23	1:A:156:LEU:N	0.57	2.14	12	2
1:A:111:LEU:HD13	1:A:136:HIS:CG	0.57	2.34	12	1
1:A:110:SER:O	1:A:114:HIS:CG	0.57	2.56	17	1
1:A:51:MET:SD	1:A:53:PHE:CD1	0.57	2.98	12	2
1:A:53:PHE:O	1:A:88:PHE:CG	0.57	2.58	16	1
1:A:114:HIS:CE1	1:A:138:ASP:OD2	0.57	2.57	6	3
1:A:53:PHE:HE2	1:A:95:LEU:HD11	0.57	1.52	1	4
1:A:22:ASP:OD1	1:A:22:ASP:N	0.57	2.36	9	1
1:A:101:ASP:OD1	1:A:101:ASP:N	0.57	2.34	18	2
1:A:53:PHE:CZ	1:A:79:PRO:O	0.57	2.57	6	4
1:A:100:ALA:O	1:A:101:ASP:OD1	0.57	2.22	16	1
1:A:111:LEU:N	1:A:138:ASP:OD2	0.57	2.37	18	1
1:A:59:ALA:CB	1:A:94:VAL:CG1	0.57	2.82	11	1
1:A:155:ASN:CB	1:A:158:ASP:CG	0.57	2.49	16	4
1:A:129:ALA:HB1	1:A:134:LEU:HD21	0.57	1.76	6	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:128:LEU:HD22	1:A:128:LEU:C	0.57	2.19	19	1
1:A:92:LEU:CD2	1:A:93:LYS:N	0.57	2.67	5	3
1:A:89:LEU:HD21	1:A:127:PHE:CD1	0.57	2.33	13	1
1:A:156:LEU:CD1	1:A:160:LEU:HD13	0.57	2.29	4	1
1:A:89:LEU:HD12	1:A:123:SER:HB3	0.57	1.76	16	1
1:A:92:LEU:HG	1:A:96:VAL:HG21	0.57	1.76	5	4
1:A:56:PRO:HB3	1:A:94:VAL:HG21	0.57	1.75	15	1
1:A:95:LEU:HD12	1:A:96:VAL:HG23	0.57	1.76	8	1
1:A:153:ALA:HB3	1:A:156:LEU:HD23	0.57	1.77	8	1
1:A:96:VAL:HG12	1:A:96:VAL:O	0.57	1.99	9	1
1:A:63:LEU:CD1	1:A:64:LYS:N	0.57	2.67	7	1
1:A:48:LEU:HD23	1:A:51:MET:CE	0.57	2.29	7	1
1:A:43:PHE:CD1	1:A:43:PHE:O	0.57	2.57	19	1
1:A:105:LEU:HD22	1:A:109:GLY:O	0.57	1.99	11	2
1:A:38:ASP:O	1:A:47:ALA:HB2	0.57	1.98	11	1
1:A:92:LEU:HD12	1:A:95:LEU:HD11	0.57	1.76	18	1
1:A:113:ILE:CA	1:A:128:LEU:HD21	0.57	2.30	19	1
1:A:113:ILE:HD12	1:A:129:ALA:CA	0.57	2.29	3	1
1:A:43:PHE:O	1:A:43:PHE:CD2	0.57	2.58	3	1
1:A:113:ILE:HD12	1:A:128:LEU:CB	0.57	2.30	6	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:40:LEU:N	0.56	2.67	18	3
1:A:25:GLU:O	1:A:29:LEU:HD12	0.56	2.00	11	1
1:A:127:PHE:CZ	1:A:131:GLU:CD	0.56	2.79	6	2
1:A:105:LEU:H	1:A:105:LEU:HD22	0.56	1.60	8	2
1:A:51:MET:HE3	1:A:51:MET:O	0.56	1.99	15	1
1:A:121:HIS:CB	1:A:124:VAL:HG21	0.56	2.30	13	1
1:A:110:SER:O	1:A:111:LEU:CB	0.56	2.53	17	1
1:A:55:SER:OG	1:A:58:VAL:HG23	0.56	2.00	17	1
1:A:10:VAL:HG22	1:A:13:ARG:HB3	0.56	1.77	20	1
1:A:89:LEU:C	1:A:89:LEU:HD13	0.56	2.20	13	2
1:A:49:GLN:HB2	1:A:71:VAL:HG21	0.56	1.75	10	1
1:A:52:MET:O	1:A:88:PHE:CE2	0.56	2.58	2	1
1:A:13:ARG:NH1	1:A:33:GLU:OE2	0.56	2.39	8	1
1:A:31:HIS:ND1	1:A:31:HIS:N	0.56	2.53	13	1
1:A:115:LEU:O	1:A:119:GLU:CD	0.56	2.41	10	1
1:A:14:LEU:CD1	1:A:47:ALA:CB	0.56	2.83	16	2
1:A:77:THR:HG22	1:A:81:HIS:CD2	0.56	2.35	8	1
1:A:154:GLN:N	1:A:154:GLN:OE1	0.56	2.39	9	1
1:A:15:SER:O	1:A:19:ALA:HB3	0.56	2.00	10	1
1:A:80:VAL:CG2	1:A:96:VAL:HG22	0.56	2.30	7	3
1:A:114:HIS:CE1	1:A:138:ASP:OD1	0.56	2.58	12	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:113:ILE:HB	1:A:128:LEU:HD12	0.56	1.76	11	1
1:A:10:VAL:HG13	1:A:35:VAL:HG13	0.56	1.78	16	1
1:A:40:LEU:HD12	1:A:40:LEU:H	0.56	1.61	16	1
1:A:26:VAL:CG1	1:A:27:ARG:N	0.56	2.69	13	11
1:A:126:SER:CB	1:A:159:ILE:CB	0.56	2.84	14	1
1:A:30:LEU:CD2	1:A:30:LEU:N	0.56	2.69	2	1
1:A:105:LEU:HD23	1:A:111:LEU:HG	0.56	1.77	7	2
1:A:83:ALA:CB	1:A:92:LEU:HD12	0.56	2.30	8	2
1:A:40:LEU:N	1:A:40:LEU:CD1	0.56	2.67	13	1
1:A:29:LEU:HD21	1:A:33:GLU:OE1	0.56	1.91	11	1
1:A:49:GLN:HG2	1:A:71:VAL:HG23	0.56	1.77	20	1
1:A:114:HIS:CD2	1:A:138:ASP:OD2	0.56	2.59	10	2
1:A:94:VAL:CG1	1:A:95:LEU:N	0.56	2.68	1	2
1:A:93:LYS:O	1:A:97:GLU:CG	0.56	2.54	1	10
1:A:111:LEU:N	1:A:114:HIS:ND1	0.56	2.53	16	3
1:A:105:LEU:CD1	1:A:111:LEU:HD23	0.56	2.31	8	1
1:A:93:LYS:HB2	1:A:127:PHE:CZ	0.56	2.35	5	3
1:A:152:GLY:O	1:A:154:GLN:N	0.56	2.38	6	9
1:A:17:ALA:CB	1:A:29:LEU:CD1	0.56	2.84	4	6
1:A:21:GLY:O	1:A:58:VAL:HG21	0.56	2.01	20	1
1:A:145:LEU:HD21	1:A:161:GLN:HG2	0.56	1.78	19	2
1:A:30:LEU:HD11	1:A:65:GLN:HG2	0.56	1.77	15	1
1:A:114:HIS:CG	1:A:138:ASP:OD1	0.56	2.59	8	1
1:A:10:VAL:CG2	1:A:35:VAL:CG1	0.55	2.84	2	1
1:A:121:HIS:C	1:A:125:VAL:HG22	0.55	2.20	15	1
1:A:26:VAL:HG13	1:A:27:ARG:N	0.55	2.16	16	9
1:A:112:PRO:C	1:A:128:LEU:HD22	0.55	2.21	4	2
1:A:117:ILE:HB	1:A:147:LEU:HD13	0.55	1.78	19	2
1:A:153:ALA:O	1:A:154:GLN:NE2	0.55	2.39	20	3
1:A:30:LEU:CD1	1:A:30:LEU:N	0.55	2.65	14	2
1:A:14:LEU:C	1:A:14:LEU:HD22	0.55	2.21	9	2
1:A:10:VAL:O	1:A:39:ALA:HB1	0.55	2.01	19	2
1:A:55:SER:O	1:A:58:VAL:CG1	0.55	2.53	15	2
1:A:155:ASN:O	1:A:159:ILE:CG1	0.55	2.55	9	4
1:A:80:VAL:CG1	1:A:112:PRO:CG	0.55	2.85	17	2
1:A:95:LEU:CD1	1:A:96:VAL:N	0.55	2.68	16	2
1:A:105:LEU:CD2	1:A:111:LEU:HD12	0.55	2.31	13	4
1:A:48:LEU:HD13	1:A:62:LEU:HD11	0.55	1.77	13	1
1:A:142:LEU:HD13	1:A:147:LEU:HG	0.55	1.77	19	2
1:A:106:ASP:O	1:A:108:THR:HG22	0.55	2.02	5	1
1:A:154:GLN:OE1	1:A:154:GLN:N	0.55	2.40	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:89:LEU:HD13	1:A:124:VAL:HA	0.55	1.78	1	1
1:A:136:HIS:O	1:A:143:THR:HG23	0.55	2.01	14	1
1:A:91:THR:O	1:A:94:VAL:CG2	0.55	2.55	8	2
1:A:95:LEU:HD12	1:A:100:ALA:HB2	0.55	1.79	3	1
1:A:154:GLN:N	1:A:154:GLN:NE2	0.55	2.54	8	2
1:A:121:HIS:O	1:A:122:SER:CB	0.55	2.55	5	5
1:A:30:LEU:CD2	1:A:35:VAL:HG23	0.55	2.31	20	1
1:A:29:LEU:HD13	1:A:35:VAL:HG21	0.55	1.79	6	1
1:A:53:PHE:O	1:A:91:THR:CB	0.55	2.55	19	3
1:A:53:PHE:CD1	1:A:82:ASP:OD1	0.55	2.59	12	1
1:A:113:ILE:N	1:A:128:LEU:HD11	0.55	2.17	13	1
1:A:111:LEU:HD22	1:A:132:SER:OG	0.55	2.02	13	1
1:A:17:ALA:HB1	1:A:29:LEU:HD11	0.55	1.77	17	1
1:A:28:ARG:O	1:A:32:ARG:CB	0.54	2.55	10	15
1:A:151:ARG:O	1:A:153:ALA:N	0.54	2.40	14	7
1:A:82:ASP:O	1:A:86:THR:CG2	0.54	2.55	9	16
1:A:105:LEU:CD1	1:A:105:LEU:N	0.54	2.61	14	1
1:A:60:LEU:C	1:A:60:LEU:HD13	0.54	2.23	2	1
1:A:119:GLU:CB	1:A:121:HIS:CD2	0.54	2.90	17	1
1:A:87:GLY:HA3	1:A:121:HIS:CE1	0.54	2.38	5	2
1:A:27:ARG:C	1:A:31:HIS:CD2	0.54	2.80	7	1
1:A:53:PHE:N	1:A:53:PHE:CD1	0.54	2.75	8	5
1:A:60:LEU:O	1:A:64:LYS:CB	0.54	2.56	15	8
1:A:27:ARG:O	1:A:31:HIS:CB	0.54	2.56	12	8
1:A:155:ASN:O	1:A:159:ILE:CD1	0.54	2.56	5	6
1:A:100:ALA:O	1:A:102:VAL:N	0.54	2.40	4	7
1:A:110:SER:C	1:A:138:ASP:OD1	0.54	2.44	2	1
1:A:77:THR:OG1	1:A:106:ASP:OD2	0.54	2.19	8	1
1:A:110:SER:OG	1:A:114:HIS:CG	0.54	2.61	9	1
1:A:89:LEU:HD11	1:A:93:LYS:HE3	0.54	1.78	11	1
1:A:93:LYS:HD2	1:A:127:PHE:CE2	0.54	2.37	2	1
1:A:111:LEU:HD12	1:A:136:HIS:HB3	0.54	1.78	8	1
1:A:59:ALA:O	1:A:63:LEU:CB	0.54	2.55	3	8
1:A:115:LEU:N	1:A:115:LEU:HD23	0.54	2.16	2	6
1:A:89:LEU:HD11	1:A:127:PHE:CD1	0.54	2.37	12	1
1:A:36:HIS:HB3	1:A:38:ASP:OD1	0.54	2.02	10	2
1:A:113:ILE:CD1	1:A:129:ALA:N	0.54	2.70	6	1
1:A:154:GLN:NE2	1:A:156:LEU:N	0.54	2.54	17	1
1:A:76:GLY:O	1:A:106:ASP:OD2	0.54	2.25	19	1
1:A:156:LEU:CD1	1:A:157:MET:N	0.54	2.71	13	2
1:A:134:LEU:HD22	1:A:164:MET:HG3	0.54	1.78	3	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:156:LEU:HD13	1:A:160:LEU:HD11	0.54	1.80	8	1
1:A:133:ASP:OD1	1:A:136:HIS:N	0.54	2.40	17	1
1:A:146:GLU:HA	1:A:146:GLU:OE1	0.54	2.02	11	1
1:A:126:SER:HB2	1:A:159:ILE:CG2	0.54	2.33	14	14
1:A:19:ALA:O	1:A:52:MET:CG	0.54	2.56	17	5
1:A:27:ARG:HB2	1:A:31:HIS:CD2	0.54	2.37	16	2
1:A:159:ILE:O	1:A:163:HIS:CG	0.54	2.61	3	1
1:A:93:LYS:HD2	1:A:127:PHE:CE1	0.54	2.38	11	1
1:A:55:SER:C	1:A:58:VAL:HG12	0.54	2.23	12	1
1:A:26:VAL:O	1:A:30:LEU:CD2	0.54	2.56	14	2
1:A:160:LEU:HD12	1:A:160:LEU:H	0.54	1.62	1	2
1:A:53:PHE:CD2	1:A:83:ALA:CB	0.54	2.89	20	7
1:A:134:LEU:O	1:A:135:HIS:CB	0.54	2.56	12	5
1:A:123:SER:O	1:A:127:PHE:CB	0.54	2.56	11	6
1:A:80:VAL:HG13	1:A:100:ALA:HB1	0.54	1.75	20	1
1:A:12:ASP:OD1	1:A:13:ARG:N	0.54	2.40	20	1
1:A:113:ILE:CD1	1:A:117:ILE:CD1	0.54	2.86	10	1
1:A:53:PHE:CD2	1:A:92:LEU:HD12	0.54	2.38	4	1
1:A:31:HIS:ND1	1:A:31:HIS:C	0.54	2.61	11	2
1:A:116:ALA:CB	1:A:124:VAL:HG12	0.54	2.33	4	3
1:A:89:LEU:HD22	1:A:123:SER:HB3	0.54	1.80	18	2
1:A:77:THR:HG23	1:A:81:HIS:HB2	0.54	1.78	18	1
1:A:27:ARG:O	1:A:31:HIS:CG	0.53	2.62	13	3
1:A:105:LEU:HD21	1:A:111:LEU:CD1	0.53	2.33	13	3
1:A:93:LYS:O	1:A:97:GLU:N	0.53	2.40	2	12
1:A:87:GLY:HA3	1:A:124:VAL:HG21	0.53	1.80	20	1
1:A:150:GLN:CG	1:A:151:ARG:N	0.53	2.69	6	4
1:A:117:ILE:HG12	1:A:160:LEU:HD11	0.53	1.79	8	1
1:A:22:ASP:CG	1:A:25:GLU:CG	0.53	2.63	9	1
1:A:111:LEU:HD21	1:A:132:SER:HB3	0.53	1.78	4	1
1:A:142:LEU:HD12	1:A:142:LEU:N	0.53	2.18	18	1
1:A:29:LEU:O	1:A:34:LEU:N	0.53	2.41	17	16
1:A:41:ASN:O	1:A:42:ARG:CB	0.53	2.56	11	2
1:A:10:VAL:HG13	1:A:35:VAL:CG1	0.53	2.33	16	1
1:A:30:LEU:HD22	1:A:30:LEU:H	0.53	1.63	10	2
1:A:14:LEU:CD1	1:A:29:LEU:HD12	0.53	2.32	14	1
1:A:133:ASP:O	1:A:135:HIS:N	0.53	2.42	19	5
1:A:48:LEU:HD12	1:A:51:MET:SD	0.53	2.42	9	1
1:A:58:VAL:CG2	1:A:59:ALA:N	0.53	2.71	3	1
1:A:89:LEU:HD11	1:A:93:LYS:CE	0.53	2.33	11	1
1:A:135:HIS:O	1:A:143:THR:CG2	0.53	2.57	8	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:114:HIS:CD2	1:A:142:LEU:O	0.53	2.61	6	2
1:A:156:LEU:HD12	1:A:156:LEU:N	0.53	2.17	13	2
1:A:116:ALA:O	1:A:125:VAL:CG2	0.53	2.57	18	8
1:A:89:LEU:O	1:A:93:LYS:CB	0.53	2.55	19	3
1:A:122:SER:O	1:A:126:SER:CB	0.53	2.56	17	3
1:A:26:VAL:HA	1:A:29:LEU:HD12	0.53	1.81	10	1
1:A:112:PRO:HA	1:A:115:LEU:HD13	0.53	1.80	4	1
1:A:154:GLN:C	1:A:158:ASP:OD1	0.53	2.43	12	1
1:A:42:ARG:O	1:A:43:PHE:CB	0.53	2.56	16	1
1:A:119:GLU:HB3	1:A:121:HIS:CD2	0.53	2.38	15	2
1:A:51:MET:CE	1:A:51:MET:O	0.53	2.57	15	1
1:A:144:PRO:O	1:A:160:LEU:CD1	0.53	2.57	3	2
1:A:30:LEU:CD1	1:A:61:GLU:O	0.53	2.57	7	2
1:A:80:VAL:O	1:A:84:ALA:HB2	0.53	2.04	7	1
1:A:17:ALA:HB1	1:A:25:GLU:HG2	0.53	1.80	5	1
1:A:145:LEU:C	1:A:146:GLU:OE1	0.53	2.47	11	1
1:A:80:VAL:HG23	1:A:96:VAL:HG22	0.53	1.81	14	2
1:A:143:THR:CB	1:A:144:PRO:HD2	0.53	2.34	18	9
1:A:89:LEU:HD23	1:A:124:VAL:HA	0.53	1.81	5	2
1:A:10:VAL:CG2	1:A:35:VAL:HG23	0.53	2.33	18	1
1:A:117:ILE:HG23	1:A:156:LEU:HD13	0.53	1.79	14	2
1:A:111:LEU:CG	1:A:133:ASP:OD1	0.53	2.56	5	1
1:A:58:VAL:O	1:A:62:LEU:CD1	0.53	2.57	11	2
1:A:126:SER:OG	1:A:159:ILE:HG21	0.53	2.04	11	2
1:A:109:GLY:O	1:A:110:SER:CB	0.53	2.57	9	1
1:A:151:ARG:O	1:A:156:LEU:CD2	0.53	2.57	4	2
1:A:52:MET:O	1:A:54:GLY:N	0.52	2.42	12	6
1:A:48:LEU:O	1:A:51:MET:CG	0.52	2.57	12	2
1:A:133:ASP:OD1	1:A:136:HIS:CG	0.52	2.62	20	1
1:A:125:VAL:CG2	1:A:126:SER:N	0.52	2.72	6	2
1:A:145:LEU:HD21	1:A:161:GLN:HA	0.52	1.79	14	1
1:A:148:ALA:O	1:A:152:GLY:CA	0.52	2.57	8	3
1:A:10:VAL:CG1	1:A:35:VAL:CG2	0.52	2.87	9	1
1:A:41:ASN:OD1	1:A:43:PHE:CB	0.52	2.57	10	1
1:A:19:ALA:CB	1:A:50:VAL:O	0.52	2.57	7	1
1:A:93:LYS:O	1:A:97:GLU:CB	0.52	2.57	2	13
1:A:126:SER:OG	1:A:159:ILE:CG2	0.52	2.57	13	4
1:A:29:LEU:O	1:A:33:GLU:N	0.52	2.43	17	10
1:A:116:ALA:O	1:A:125:VAL:HG12	0.52	2.04	6	2
1:A:144:PRO:O	1:A:148:ALA:HB2	0.52	2.03	14	1
1:A:100:ALA:C	1:A:101:ASP:OD1	0.52	2.47	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:145:LEU:HD21	1:A:161:GLN:CG	0.52	2.34	19	1
1:A:85:ARG:HG3	1:A:119:GLU:OE2	0.52	2.04	11	1
1:A:16:GLY:O	1:A:20:ARG:CG	0.52	2.57	11	3
1:A:27:ARG:O	1:A:31:HIS:N	0.52	2.42	19	7
1:A:120:GLY:O	1:A:122:SER:N	0.52	2.42	19	4
1:A:123:SER:O	1:A:127:PHE:N	0.52	2.42	5	3
1:A:25:GLU:CD	1:A:25:GLU:H	0.52	2.07	3	2
1:A:128:LEU:CD1	1:A:132:SER:OG	0.52	2.57	20	2
1:A:59:ALA:O	1:A:63:LEU:CG	0.52	2.57	12	2
1:A:30:LEU:CD1	1:A:62:LEU:HD23	0.52	2.32	19	1
1:A:33:GLU:OE1	1:A:35:VAL:HG21	0.52	1.97	16	1
1:A:152:GLY:O	1:A:156:LEU:CD2	0.52	2.57	8	1
1:A:92:LEU:O	1:A:96:VAL:HG23	0.52	2.05	13	2
1:A:92:LEU:HB3	1:A:127:PHE:CE2	0.52	2.39	9	1
1:A:148:ALA:HB2	1:A:160:LEU:HG	0.52	1.82	17	2
1:A:10:VAL:O	1:A:13:ARG:N	0.52	2.43	3	4
1:A:156:LEU:O	1:A:160:LEU:CD1	0.52	2.57	11	4
1:A:55:SER:O	1:A:91:THR:CB	0.52	2.57	12	1
1:A:87:GLY:CA	1:A:124:VAL:CG2	0.52	2.88	20	1
1:A:28:ARG:O	1:A:32:ARG:N	0.52	2.43	20	2
1:A:153:ALA:O	1:A:154:GLN:O	0.52	2.27	4	4
1:A:114:HIS:NE2	1:A:142:LEU:O	0.52	2.43	4	6
1:A:128:LEU:O	1:A:132:SER:CB	0.52	2.57	8	1
1:A:145:LEU:O	1:A:149:ARG:N	0.52	2.42	9	1
1:A:151:ARG:O	1:A:156:LEU:CD1	0.52	2.56	18	1
1:A:104:ALA:C	1:A:105:LEU:HD13	0.52	2.24	14	2
1:A:111:LEU:HD13	1:A:136:HIS:CD2	0.52	2.39	17	2
1:A:60:LEU:HD13	1:A:60:LEU:C	0.52	2.24	3	1
1:A:38:ASP:O	1:A:40:LEU:CD1	0.52	2.58	10	2
1:A:154:GLN:OE1	1:A:155:ASN:N	0.52	2.43	19	2
1:A:11:GLY:O	1:A:15:SER:CB	0.52	2.57	16	1
1:A:106:ASP:O	1:A:107:SER:CB	0.52	2.58	9	4
1:A:11:GLY:CA	1:A:39:ALA:CB	0.52	2.88	17	1
1:A:134:LEU:CD1	1:A:163:HIS:O	0.52	2.57	16	1
1:A:102:VAL:CG2	1:A:131:GLU:O	0.52	2.57	5	2
1:A:114:HIS:O	1:A:147:LEU:HD13	0.52	2.05	8	2
1:A:80:VAL:HG22	1:A:96:VAL:HG22	0.52	1.81	6	1
1:A:153:ALA:CB	1:A:154:GLN:OE1	0.52	2.57	1	4
1:A:86:THR:O	1:A:121:HIS:NE2	0.52	2.43	20	2
1:A:23:VAL:HA	1:A:58:VAL:HG23	0.52	1.81	20	2
1:A:138:ASP:O	1:A:141:GLY:N	0.52	2.43	14	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:55:SER:O	1:A:91:THR:CG2	0.52	2.57	13	1
1:A:130:PRO:CA	1:A:134:LEU:HD11	0.52	2.33	1	1
1:A:22:ASP:OD2	1:A:29:LEU:HD11	0.52	2.04	18	1
1:A:156:LEU:O	1:A:160:LEU:HD12	0.51	2.05	1	3
1:A:84:ALA:HB2	1:A:128:LEU:HD11	0.51	1.82	12	1
1:A:133:ASP:O	1:A:136:HIS:ND1	0.51	2.43	12	2
1:A:146:GLU:OE2	1:A:149:ARG:CZ	0.51	2.58	15	1
1:A:145:LEU:HD12	1:A:145:LEU:O	0.51	2.05	7	1
1:A:77:THR:N	1:A:106:ASP:CG	0.51	2.63	19	1
1:A:142:LEU:O	1:A:143:THR:CG2	0.51	2.57	13	1
1:A:14:LEU:CB	1:A:35:VAL:CG1	0.51	2.88	4	1
1:A:27:ARG:CB	1:A:61:GLU:OE1	0.51	2.56	17	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:46:THR:N	0.51	2.19	7	1
1:A:148:ALA:CB	1:A:160:LEU:HD12	0.51	2.36	2	1
1:A:110:SER:CB	1:A:138:ASP:OD1	0.51	2.58	1	1
1:A:11:GLY:O	1:A:12:ASP:CB	0.51	2.56	5	1
1:A:116:ALA:CA	1:A:119:GLU:CD	0.51	2.77	9	1
1:A:97:GLU:O	1:A:131:GLU:OE2	0.51	2.28	9	1
1:A:114:HIS:HD2	1:A:147:LEU:HD12	0.51	1.63	18	1
1:A:10:VAL:O	1:A:12:ASP:N	0.51	2.44	2	1
1:A:128:LEU:CA	1:A:131:GLU:OE1	0.51	2.59	13	1
1:A:93:LYS:HG3	1:A:127:PHE:CE1	0.51	2.41	7	2
1:A:41:ASN:OD1	1:A:43:PHE:N	0.51	2.44	10	1
1:A:22:ASP:O	1:A:26:VAL:N	0.51	2.42	18	1
1:A:132:SER:O	1:A:133:ASP:OD1	0.51	2.28	3	1
1:A:11:GLY:O	1:A:41:ASN:N	0.51	2.44	12	1
1:A:82:ASP:O	1:A:86:THR:N	0.51	2.43	14	4
1:A:118:ARG:O	1:A:151:ARG:NE	0.51	2.44	6	1
1:A:93:LYS:O	1:A:97:GLU:HB3	0.51	2.05	9	17
1:A:56:PRO:N	1:A:91:THR:OG1	0.51	2.43	11	2
1:A:87:GLY:O	1:A:89:LEU:N	0.51	2.43	20	1
1:A:153:ALA:HB3	1:A:154:GLN:HE21	0.51	1.66	15	2
1:A:152:GLY:O	1:A:156:LEU:HD23	0.51	2.05	8	1
1:A:48:LEU:HD13	1:A:62:LEU:CD1	0.51	2.36	13	1
1:A:111:LEU:CD2	1:A:132:SER:OG	0.51	2.58	13	1
1:A:30:LEU:HD23	1:A:35:VAL:HG12	0.51	1.83	18	1
1:A:57:ALA:O	1:A:61:GLU:CB	0.51	2.58	5	1
1:A:97:GLU:OE2	1:A:98:HIS:N	0.51	2.42	3	1
1:A:156:LEU:HG	1:A:157:MET:N	0.51	2.21	18	5
1:A:81:HIS:NE2	1:A:104:ALA:O	0.51	2.44	8	2
1:A:63:LEU:HD23	1:A:98:HIS:CD2	0.51	2.41	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:43:PHE:CG	1:A:43:PHE:O	0.51	2.61	2	1
1:A:118:ARG:CD	1:A:151:ARG:CD	0.51	2.88	8	1
1:A:10:VAL:CG1	1:A:35:VAL:HG23	0.51	2.36	9	1
1:A:52:MET:SD	1:A:54:GLY:N	0.51	2.84	6	2
1:A:154:GLN:NE2	1:A:155:ASN:C	0.51	2.64	17	1
1:A:126:SER:HB3	1:A:159:ILE:CG2	0.51	2.36	10	3
1:A:155:ASN:O	1:A:159:ILE:HD13	0.51	2.05	14	1
1:A:121:HIS:O	1:A:123:SER:N	0.51	2.44	14	2
1:A:85:ARG:O	1:A:121:HIS:CD2	0.51	2.64	8	1
1:A:96:VAL:CG1	1:A:102:VAL:HG11	0.51	2.32	8	1
1:A:111:LEU:O	1:A:115:LEU:CD1	0.51	2.59	13	1
1:A:145:LEU:HD13	1:A:161:GLN:HG3	0.51	1.81	9	1
1:A:115:LEU:O	1:A:118:ARG:CG	0.51	2.59	6	3
1:A:38:ASP:O	1:A:40:LEU:N	0.51	2.43	5	1
1:A:78:SER:CB	1:A:79:PRO:HD2	0.50	2.35	20	11
1:A:156:LEU:HD12	1:A:157:MET:H	0.50	1.65	3	1
1:A:25:GLU:O	1:A:29:LEU:HD23	0.50	2.06	14	3
1:A:92:LEU:C	1:A:92:LEU:CD2	0.50	2.80	5	6
1:A:134:LEU:HD12	1:A:134:LEU:H	0.50	1.64	17	2
1:A:121:HIS:HB2	1:A:124:VAL:CG2	0.50	2.36	13	3
1:A:121:HIS:HB3	1:A:124:VAL:CG2	0.50	2.36	13	3
1:A:93:LYS:HA	1:A:127:PHE:CE1	0.50	2.41	9	1
1:A:117:ILE:HG12	1:A:125:VAL:CG1	0.50	2.35	17	3
1:A:97:GLU:OE2	1:A:98:HIS:CD2	0.50	2.64	15	1
1:A:93:LYS:HE2	1:A:127:PHE:CD1	0.50	2.42	8	1
1:A:111:LEU:O	1:A:115:LEU:HD12	0.50	2.07	13	1
1:A:80:VAL:HG13	1:A:100:ALA:CB	0.50	2.35	9	1
1:A:61:GLU:O	1:A:65:GLN:CB	0.50	2.59	11	1
1:A:40:LEU:CB	1:A:45:LYS:O	0.50	2.59	13	4
1:A:48:LEU:HD22	1:A:62:LEU:HD11	0.50	1.83	12	1
1:A:12:ASP:C	1:A:12:ASP:OD1	0.50	2.48	20	1
1:A:14:LEU:CD1	1:A:29:LEU:HD13	0.50	2.34	10	1
1:A:80:VAL:CG1	1:A:112:PRO:HG3	0.50	2.37	7	3
1:A:106:ASP:O	1:A:108:THR:N	0.50	2.43	5	1
1:A:37:PRO:CG	1:A:66:GLY:O	0.50	2.59	3	1
1:A:31:HIS:C	1:A:31:HIS:ND1	0.50	2.65	16	2
1:A:126:SER:CB	1:A:159:ILE:HB	0.50	2.36	14	1
1:A:105:LEU:N	1:A:105:LEU:CD2	0.50	2.72	15	1
1:A:136:HIS:CD2	1:A:137:ARG:O	0.50	2.64	3	1
1:A:59:ALA:O	1:A:63:LEU:CD1	0.50	2.60	11	1
1:A:18:ALA:CB	1:A:62:LEU:HD11	0.50	2.36	20	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:70:ASN:OD1	1:A:101:ASP:CG	0.50	2.48	20	1
1:A:102:VAL:HG23	1:A:103:ASN:OD1	0.50	2.06	15	1
1:A:118:ARG:HD2	1:A:151:ARG:CD	0.50	2.37	8	1
1:A:30:LEU:CD2	1:A:65:GLN:NE2	0.50	2.75	13	1
1:A:55:SER:HB3	1:A:58:VAL:HG13	0.50	1.81	9	1
1:A:106:ASP:OD2	1:A:110:SER:O	0.50	2.29	7	1
1:A:114:HIS:NE2	1:A:138:ASP:OD1	0.50	2.44	12	2
1:A:132:SER:O	1:A:134:LEU:N	0.50	2.44	13	4
1:A:154:GLN:CD	1:A:155:ASN:N	0.50	2.65	17	3
1:A:14:LEU:HB3	1:A:35:VAL:CG1	0.50	2.37	4	1
1:A:31:HIS:O	1:A:31:HIS:ND1	0.50	2.43	7	1
1:A:117:ILE:HG13	1:A:125:VAL:CG1	0.50	2.37	2	4
1:A:87:GLY:HA2	1:A:124:VAL:CG2	0.50	2.36	20	1
1:A:145:LEU:HD12	1:A:164:MET:HE2	0.50	1.82	14	1
1:A:28:ARG:O	1:A:33:GLU:N	0.50	2.43	14	2
1:A:111:LEU:HD22	1:A:136:HIS:HB3	0.50	1.84	15	1
1:A:126:SER:O	1:A:130:PRO:CD	0.50	2.60	13	3
1:A:142:LEU:O	1:A:143:THR:CB	0.50	2.60	13	1
1:A:113:ILE:HD13	1:A:117:ILE:CD1	0.50	2.36	10	1
1:A:26:VAL:CB	1:A:58:VAL:HG12	0.50	2.37	4	1
1:A:117:ILE:HD13	1:A:125:VAL:CG1	0.50	2.37	18	1
1:A:81:HIS:NE2	1:A:105:LEU:O	0.50	2.45	7	1
1:A:113:ILE:HA	1:A:128:LEU:HD11	0.50	1.83	5	1
1:A:96:VAL:HG11	1:A:127:PHE:CE2	0.50	2.42	16	2
1:A:116:ALA:C	1:A:125:VAL:CG1	0.50	2.80	15	4
1:A:63:LEU:HD21	1:A:69:PRO:HB3	0.50	1.82	14	1
1:A:92:LEU:O	1:A:96:VAL:CG2	0.50	2.60	13	2
1:A:122:SER:OG	1:A:123:SER:N	0.50	2.45	5	2
1:A:117:ILE:CG2	1:A:147:LEU:HD13	0.50	2.37	10	1
1:A:14:LEU:O	1:A:14:LEU:HD12	0.50	2.07	6	1
1:A:156:LEU:C	1:A:156:LEU:CD1	0.50	2.80	4	1
1:A:22:ASP:OD2	1:A:29:LEU:CD1	0.50	2.60	18	1
1:A:55:SER:HB2	1:A:58:VAL:CG1	0.50	2.37	3	4
1:A:92:LEU:O	1:A:96:VAL:HB	0.50	2.07	16	17
1:A:93:LYS:HA	1:A:127:PHE:CZ	0.50	2.42	5	3
1:A:153:ALA:HB3	1:A:156:LEU:CG	0.50	2.33	13	1
1:A:107:SER:O	1:A:108:THR:HG23	0.50	2.07	9	1
1:A:58:VAL:O	1:A:62:LEU:HD12	0.50	2.06	6	1
1:A:53:PHE:C	1:A:91:THR:HG21	0.49	2.27	12	1
1:A:111:LEU:HG	1:A:114:HIS:CE1	0.49	2.41	20	1
1:A:60:LEU:HD21	1:A:64:LYS:CD	0.49	2.37	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:36:HIS:CG	1:A:38:ASP:OD1	0.49	2.65	6	1
1:A:30:LEU:HD22	1:A:65:GLN:HB2	0.49	1.84	5	1
1:A:99:GLY:O	1:A:100:ALA:C	0.49	2.51	1	7
1:A:35:VAL:HG12	1:A:36:HIS:N	0.49	2.23	11	1
1:A:123:SER:OG	1:A:124:VAL:N	0.49	2.45	12	1
1:A:33:GLU:HG2	1:A:33:GLU:O	0.49	2.07	15	1
1:A:145:LEU:HD23	1:A:145:LEU:O	0.49	2.07	15	1
1:A:93:LYS:HB2	1:A:127:PHE:CE1	0.49	2.41	5	1
1:A:60:LEU:CD2	1:A:60:LEU:C	0.49	2.81	5	3
1:A:92:LEU:CD2	1:A:127:PHE:CE2	0.49	2.95	19	3
1:A:93:LYS:HB2	1:A:127:PHE:CE2	0.49	2.43	1	2
1:A:70:ASN:OD1	1:A:70:ASN:N	0.49	2.45	10	1
1:A:25:GLU:O	1:A:29:LEU:CG	0.49	2.60	6	1
1:A:48:LEU:CD2	1:A:51:MET:HE2	0.49	2.37	7	1
1:A:88:PHE:O	1:A:92:LEU:N	0.49	2.41	20	1
1:A:89:LEU:HD22	1:A:89:LEU:O	0.49	2.07	13	2
1:A:125:VAL:HG23	1:A:126:SER:N	0.49	2.21	6	2
1:A:111:LEU:HB2	1:A:114:HIS:CE1	0.49	2.42	13	2
1:A:41:ASN:O	1:A:43:PHE:N	0.49	2.45	15	2
1:A:92:LEU:HD23	1:A:92:LEU:O	0.49	2.08	8	1
1:A:30:LEU:H	1:A:30:LEU:HD22	0.49	1.67	17	1
1:A:125:VAL:CB	1:A:156:LEU:HD21	0.49	2.37	7	1
1:A:25:GLU:CD	1:A:26:VAL:CA	0.49	2.52	5	1
1:A:53:PHE:HB2	1:A:88:PHE:CD2	0.49	2.42	20	4
1:A:29:LEU:O	1:A:33:GLU:HB3	0.49	2.06	15	14
1:A:113:ILE:CA	1:A:128:LEU:HD22	0.49	2.37	12	2
1:A:113:ILE:CA	1:A:128:LEU:HD11	0.49	2.38	5	2
1:A:26:VAL:HG21	1:A:58:VAL:HB	0.49	1.85	10	2
1:A:105:LEU:CD2	1:A:111:LEU:N	0.49	2.75	18	1
1:A:35:VAL:O	1:A:65:GLN:NE2	0.49	2.45	18	1
1:A:80:VAL:HG21	1:A:102:VAL:HG13	0.49	1.83	3	1
1:A:22:ASP:N	1:A:22:ASP:OD1	0.49	2.45	11	4
1:A:117:ILE:HA	1:A:125:VAL:CG1	0.49	2.37	15	7
1:A:87:GLY:O	1:A:88:PHE:CD1	0.49	2.65	16	3
1:A:10:VAL:HG21	1:A:35:VAL:CG1	0.49	2.38	2	1
1:A:105:LEU:HD22	1:A:111:LEU:HA	0.49	1.84	15	1
1:A:14:LEU:HD22	1:A:14:LEU:O	0.49	2.08	15	1
1:A:56:PRO:CA	1:A:91:THR:OG1	0.49	2.60	11	2
1:A:153:ALA:CB	1:A:156:LEU:CD2	0.49	2.81	12	1
1:A:17:ALA:HB1	1:A:22:ASP:HB3	0.49	1.85	20	1
1:A:102:VAL:CG1	1:A:131:GLU:O	0.49	2.61	14	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:145:LEU:HD11	1:A:161:GLN:HB3	0.49	1.85	15	1
1:A:89:LEU:HD21	1:A:127:PHE:CB	0.49	2.38	13	2
1:A:22:ASP:OD1	1:A:25:GLU:CG	0.49	2.59	5	1
1:A:36:HIS:CG	1:A:37:PRO:HD2	0.49	2.42	2	3
1:A:52:MET:CE	1:A:54:GLY:HA3	0.49	2.38	3	2
1:A:80:VAL:HG12	1:A:96:VAL:CG2	0.49	2.37	11	1
1:A:22:ASP:CG	1:A:25:GLU:HB2	0.49	2.28	12	2
1:A:117:ILE:N	1:A:125:VAL:HG12	0.49	2.22	7	3
1:A:138:ASP:O	1:A:139:ALA:CB	0.49	2.61	17	1
1:A:69:PRO:O	1:A:71:VAL:N	0.49	2.45	11	1
1:A:121:HIS:O	1:A:124:VAL:N	0.49	2.46	15	2
1:A:138:ASP:N	1:A:138:ASP:OD1	0.49	2.43	9	1
1:A:126:SER:OG	1:A:163:HIS:NE2	0.49	2.46	7	1
1:A:48:LEU:HD13	1:A:62:LEU:HB3	0.49	1.85	19	1
1:A:29:LEU:HD23	1:A:33:GLU:CB	0.49	2.38	11	1
1:A:60:LEU:C	1:A:60:LEU:CD1	0.49	2.80	12	1
1:A:92:LEU:CD2	1:A:92:LEU:C	0.49	2.79	19	4
1:A:15:SER:OG	1:A:50:VAL:HG21	0.49	2.07	16	3
1:A:56:PRO:O	1:A:94:VAL:HG11	0.49	2.08	20	1
1:A:29:LEU:O	1:A:33:GLU:CB	0.49	2.61	5	3
1:A:41:ASN:O	1:A:44:GLY:N	0.49	2.45	15	2
1:A:14:LEU:HD22	1:A:14:LEU:C	0.49	2.28	15	1
1:A:105:LEU:HD21	1:A:111:LEU:CG	0.49	2.34	10	1
1:A:15:SER:O	1:A:19:ALA:CB	0.49	2.61	10	2
1:A:106:ASP:O	1:A:109:GLY:N	0.49	2.45	6	1
1:A:160:LEU:O	1:A:164:MET:CG	0.49	2.60	17	1
1:A:18:ALA:HB1	1:A:51:MET:CG	0.49	2.38	7	1
1:A:26:VAL:CG2	1:A:61:GLU:OE1	0.49	2.51	5	1
1:A:60:LEU:CD1	1:A:60:LEU:C	0.48	2.81	3	1
1:A:23:VAL:CG2	1:A:57:ALA:CB	0.48	2.90	15	1
1:A:114:HIS:NE2	1:A:136:HIS:O	0.48	2.46	9	1
1:A:154:GLN:NE2	1:A:155:ASN:N	0.48	2.61	9	2
1:A:125:VAL:HG11	1:A:156:LEU:HD21	0.48	1.83	10	1
1:A:16:GLY:O	1:A:20:ARG:N	0.48	2.43	17	1
1:A:14:LEU:HD21	1:A:62:LEU:HD21	0.48	1.85	1	1
1:A:125:VAL:HG23	1:A:126:SER:H	0.48	1.67	7	1
1:A:63:LEU:O	1:A:65:GLN:N	0.48	2.43	7	1
1:A:145:LEU:HD12	1:A:164:MET:HE1	0.48	1.84	11	1
1:A:15:SER:HB3	1:A:50:VAL:HG21	0.48	1.85	12	1
1:A:63:LEU:C	1:A:63:LEU:CD1	0.48	2.80	7	2
1:A:92:LEU:HD23	1:A:96:VAL:CG1	0.48	2.33	16	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:53:PHE:O	1:A:88:PHE:CD1	0.48	2.66	15	1
1:A:48:LEU:HD13	1:A:69:PRO:HB3	0.48	1.84	8	1
1:A:155:ASN:O	1:A:159:ILE:HD12	0.48	2.06	10	1
1:A:53:PHE:CE1	1:A:83:ALA:HB2	0.48	2.41	4	1
1:A:114:HIS:CD2	1:A:147:LEU:HD22	0.48	2.44	17	1
1:A:154:GLN:O	1:A:156:LEU:N	0.48	2.45	1	1
1:A:91:THR:O	1:A:95:LEU:CD1	0.48	2.61	19	1
1:A:78:SER:N	1:A:81:HIS:ND1	0.48	2.61	5	1
1:A:153:ALA:O	1:A:154:GLN:HB3	0.48	2.08	12	5
1:A:83:ALA:HB1	1:A:92:LEU:HB2	0.48	1.85	12	2
1:A:53:PHE:O	1:A:88:PHE:CB	0.48	2.61	16	1
1:A:110:SER:OG	1:A:114:HIS:ND1	0.48	2.44	9	1
1:A:113:ILE:HD13	1:A:113:ILE:O	0.48	2.08	10	1
1:A:89:LEU:CD1	1:A:89:LEU:C	0.48	2.81	11	1
1:A:142:LEU:HA	1:A:146:GLU:OE1	0.48	2.08	12	1
1:A:10:VAL:CG1	1:A:35:VAL:HG13	0.48	2.39	16	1
1:A:70:ASN:N	1:A:70:ASN:OD1	0.48	2.44	2	2
1:A:93:LYS:O	1:A:97:GLU:HG2	0.48	2.08	1	3
1:A:134:LEU:HD22	1:A:164:MET:HA	0.48	1.86	19	2
1:A:48:LEU:CD2	1:A:68:SER:O	0.48	2.61	10	1
1:A:30:LEU:CD1	1:A:35:VAL:CG1	0.48	2.92	17	1
1:A:26:VAL:HG21	1:A:58:VAL:O	0.48	2.06	7	1
1:A:148:ALA:CB	1:A:157:MET:HA	0.48	2.38	16	2
1:A:154:GLN:HG2	1:A:155:ASN:N	0.48	2.23	1	3
1:A:93:LYS:CD	1:A:127:PHE:CE1	0.48	2.96	11	1
1:A:144:PRO:C	1:A:160:LEU:HD12	0.48	2.29	15	2
1:A:95:LEU:HD12	1:A:95:LEU:C	0.48	2.29	4	2
1:A:70:ASN:OD1	1:A:101:ASP:N	0.48	2.46	7	1
1:A:25:GLU:O	1:A:29:LEU:CB	0.48	2.61	6	3
1:A:43:PHE:O	1:A:43:PHE:CG	0.48	2.66	19	2
1:A:95:LEU:C	1:A:95:LEU:HD12	0.48	2.29	11	1
1:A:105:LEU:HD21	1:A:111:LEU:HD23	0.48	1.86	20	1
1:A:121:HIS:O	1:A:122:SER:O	0.48	2.31	13	1
1:A:49:GLN:CB	1:A:71:VAL:HG21	0.48	2.32	5	1
1:A:78:SER:HB2	1:A:79:PRO:CD	0.48	2.38	19	4
1:A:98:HIS:O	1:A:98:HIS:ND1	0.48	2.44	8	1
1:A:114:HIS:CD2	1:A:138:ASP:HB2	0.48	2.43	17	1
1:A:141:GLY:O	1:A:142:LEU:CD2	0.48	2.59	7	1
1:A:113:ILE:HD12	1:A:129:ALA:N	0.48	2.24	6	2
1:A:28:ARG:HA	1:A:31:HIS:CE1	0.48	2.44	11	1
1:A:94:VAL:O	1:A:98:HIS:CD2	0.48	2.67	15	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:55:SER:OG	1:A:58:VAL:CG2	0.48	2.62	17	1
1:A:93:LYS:HG2	1:A:97:GLU:OE1	0.48	2.09	18	1
1:A:114:HIS:HB3	1:A:147:LEU:HD22	0.48	1.84	7	1
1:A:95:LEU:C	1:A:95:LEU:CD2	0.48	2.81	19	1
1:A:95:LEU:H	1:A:95:LEU:HD13	0.48	1.68	19	1
1:A:30:LEU:HD23	1:A:35:VAL:O	0.48	2.09	3	1
1:A:79:PRO:O	1:A:82:ASP:CG	0.48	2.52	12	1
1:A:39:ALA:O	1:A:40:LEU:O	0.48	2.32	16	1
1:A:26:VAL:HG21	1:A:58:VAL:CB	0.48	2.39	9	3
1:A:22:ASP:CG	1:A:22:ASP:O	0.48	2.52	18	2
1:A:153:ALA:O	1:A:154:GLN:C	0.48	2.52	4	3
1:A:89:LEU:O	1:A:89:LEU:HD13	0.48	2.08	13	1
1:A:89:LEU:CD2	1:A:123:SER:HB3	0.48	2.38	6	1
1:A:159:ILE:O	1:A:163:HIS:CD2	0.48	2.67	20	2
1:A:81:HIS:CE1	1:A:106:ASP:OD2	0.48	2.67	19	1
1:A:148:ALA:CB	1:A:156:LEU:HD13	0.47	2.34	3	1
1:A:40:LEU:CG	1:A:45:LYS:O	0.47	2.62	11	2
1:A:129:ALA:O	1:A:132:SER:O	0.47	2.32	6	3
1:A:53:PHE:O	1:A:91:THR:OG1	0.47	2.32	19	3
1:A:51:MET:CE	1:A:53:PHE:CE1	0.47	2.96	18	1
1:A:49:GLN:NE2	1:A:77:THR:O	0.47	2.47	19	1
1:A:154:GLN:NE2	1:A:156:LEU:HG	0.47	2.24	3	3
1:A:136:HIS:O	1:A:143:THR:CG2	0.47	2.62	12	1
1:A:56:PRO:N	1:A:91:THR:HG23	0.47	2.24	20	1
1:A:127:PHE:CZ	1:A:131:GLU:HG3	0.47	2.43	14	1
1:A:156:LEU:CD1	1:A:156:LEU:C	0.47	2.76	8	1
1:A:78:SER:OG	1:A:80:VAL:HG22	0.47	2.08	1	1
1:A:10:VAL:O	1:A:14:LEU:N	0.47	2.44	20	1
1:A:149:ARG:N	1:A:157:MET:SD	0.47	2.88	14	1
1:A:142:LEU:CD1	1:A:147:LEU:HG	0.47	2.39	2	1
1:A:105:LEU:CD2	1:A:111:LEU:CD1	0.47	2.92	13	1
1:A:30:LEU:HD13	1:A:65:GLN:HG3	0.47	1.86	13	1
1:A:78:SER:CB	1:A:101:ASP:CG	0.47	2.82	5	1
1:A:30:LEU:HD22	1:A:65:GLN:CB	0.47	2.39	5	1
1:A:145:LEU:O	1:A:145:LEU:HD23	0.47	2.08	3	1
1:A:145:LEU:HD21	1:A:161:GLN:HB3	0.47	1.84	12	1
1:A:95:LEU:HG	1:A:96:VAL:N	0.47	2.25	9	2
1:A:92:LEU:O	1:A:96:VAL:CB	0.47	2.63	16	2
1:A:99:GLY:O	1:A:101:ASP:N	0.47	2.47	9	2
1:A:159:ILE:CG2	1:A:160:LEU:HD23	0.47	2.37	20	1
1:A:92:LEU:CD2	1:A:96:VAL:HG21	0.47	2.39	1	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:93:LYS:HD2	1:A:127:PHE:CZ	0.47	2.45	2	1
1:A:103:ASN:HA	1:A:111:LEU:HD11	0.47	1.86	4	2
1:A:91:THR:O	1:A:94:VAL:HG23	0.47	2.08	13	2
1:A:138:ASP:O	1:A:140:SER:N	0.47	2.48	6	2
1:A:128:LEU:O	1:A:132:SER:HB2	0.47	2.09	8	1
1:A:63:LEU:CD2	1:A:98:HIS:CD2	0.47	2.98	13	1
1:A:93:LYS:HG3	1:A:94:VAL:N	0.47	2.25	5	2
1:A:113:ILE:CG2	1:A:114:HIS:N	0.47	2.78	4	1
1:A:17:ALA:O	1:A:20:ARG:CG	0.47	2.63	5	1
1:A:57:ALA:HB1	1:A:61:GLU:CD	0.47	2.30	4	2
1:A:113:ILE:CD1	1:A:129:ALA:HA	0.47	2.39	6	8
1:A:105:LEU:CD2	1:A:111:LEU:HA	0.47	2.39	18	5
1:A:143:THR:N	1:A:146:GLU:CD	0.47	2.42	8	1
1:A:71:VAL:CG2	1:A:79:PRO:HD3	0.47	2.39	13	2
1:A:51:MET:HB3	1:A:62:LEU:CD1	0.47	2.39	18	1
1:A:70:ASN:ND2	1:A:101:ASP:HB3	0.47	2.24	3	1
1:A:62:LEU:C	1:A:62:LEU:CD1	0.47	2.81	5	4
1:A:156:LEU:HA	1:A:159:ILE:CD1	0.47	2.39	10	5
1:A:156:LEU:HD12	1:A:157:MET:N	0.47	2.25	13	3
1:A:52:MET:HE3	1:A:54:GLY:HA3	0.47	1.86	3	1
1:A:148:ALA:CB	1:A:157:MET:CA	0.47	2.93	16	1
1:A:150:GLN:HG3	1:A:151:ARG:N	0.47	2.24	8	6
1:A:82:ASP:O	1:A:86:THR:OG1	0.47	2.33	14	6
1:A:148:ALA:O	1:A:157:MET:CG	0.47	2.63	20	2
1:A:21:GLY:HA2	1:A:52:MET:CE	0.47	2.40	17	2
1:A:114:HIS:O	1:A:147:LEU:CD1	0.47	2.62	6	2
1:A:59:ALA:CB	1:A:91:THR:HG22	0.47	2.39	8	1
1:A:126:SER:O	1:A:130:PRO:HD2	0.47	2.09	13	2
1:A:120:GLY:O	1:A:121:HIS:O	0.47	2.33	13	2
1:A:114:HIS:CE1	1:A:136:HIS:O	0.47	2.68	9	1
1:A:46:THR:OG1	1:A:49:GLN:CG	0.47	2.62	17	1
1:A:80:VAL:HG13	1:A:112:PRO:CG	0.47	2.38	17	2
1:A:60:LEU:HB2	1:A:94:VAL:HG11	0.47	1.86	7	1
1:A:138:ASP:OD2	1:A:142:LEU:O	0.47	2.33	7	1
1:A:88:PHE:O	1:A:92:LEU:CB	0.47	2.63	20	4
1:A:53:PHE:O	1:A:55:SER:N	0.47	2.48	12	2
1:A:113:ILE:HD13	1:A:128:LEU:CB	0.47	2.40	12	1
1:A:113:ILE:HG23	1:A:114:HIS:ND1	0.47	2.25	20	1
1:A:14:LEU:HD12	1:A:14:LEU:O	0.47	2.09	2	2
1:A:14:LEU:O	1:A:18:ALA:CB	0.47	2.62	10	2
1:A:47:ALA:O	1:A:51:MET:N	0.47	2.47	6	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:51:MET:HE1	1:A:79:PRO:HB3	0.47	1.87	6	1
1:A:14:LEU:CB	1:A:35:VAL:CG2	0.47	2.86	1	1
1:A:47:ALA:CB	1:A:62:LEU:HD21	0.47	2.40	1	1
1:A:105:LEU:CD2	1:A:110:SER:C	0.47	2.83	18	1
1:A:70:ASN:N	1:A:70:ASN:ND2	0.47	2.61	18	1
1:A:70:ASN:ND2	1:A:99:GLY:O	0.47	2.45	19	1
1:A:53:PHE:HB2	1:A:88:PHE:CG	0.47	2.45	3	1
1:A:62:LEU:HG	1:A:63:LEU:N	0.47	2.25	7	4
1:A:154:GLN:NE2	1:A:156:LEU:HB3	0.47	2.25	18	3
1:A:47:ALA:HA	1:A:50:VAL:CG2	0.47	2.40	16	4
1:A:10:VAL:CG1	1:A:39:ALA:HB2	0.47	2.36	20	1
1:A:126:SER:HB3	1:A:159:ILE:CG1	0.47	2.40	14	1
1:A:96:VAL:O	1:A:96:VAL:CG1	0.47	2.62	9	1
1:A:115:LEU:N	1:A:115:LEU:CD2	0.47	2.74	10	1
1:A:142:LEU:O	1:A:143:THR:O	0.47	2.33	4	2
1:A:78:SER:OG	1:A:81:HIS:CE1	0.47	2.68	4	1
1:A:80:VAL:CG2	1:A:102:VAL:CG1	0.47	2.81	5	1
1:A:86:THR:OG1	1:A:88:PHE:CD2	0.47	2.66	3	2
1:A:60:LEU:O	1:A:60:LEU:CD1	0.47	2.61	12	1
1:A:21:GLY:O	1:A:23:VAL:N	0.47	2.48	18	2
1:A:29:LEU:O	1:A:33:GLU:CA	0.47	2.63	18	3
1:A:134:LEU:N	1:A:134:LEU:CD1	0.47	2.64	8	1
1:A:127:PHE:C	1:A:127:PHE:CD1	0.47	2.89	13	1
1:A:80:VAL:CG1	1:A:100:ALA:CB	0.47	2.91	9	1
1:A:130:PRO:HG2	1:A:131:GLU:OE1	0.47	2.10	4	1
1:A:80:VAL:CG2	1:A:81:HIS:N	0.47	2.77	4	1
1:A:53:PHE:O	1:A:54:GLY:C	0.46	2.53	19	4
1:A:63:LEU:C	1:A:63:LEU:HD12	0.46	2.30	20	1
1:A:153:ALA:HB1	1:A:155:ASN:HD21	0.46	1.70	14	1
1:A:143:THR:HB	1:A:144:PRO:CD	0.46	2.40	7	5
1:A:142:LEU:O	1:A:143:THR:OG1	0.46	2.33	13	1
1:A:127:PHE:C	1:A:131:GLU:OE2	0.46	2.47	6	1
1:A:17:ALA:CB	1:A:29:LEU:HD13	0.46	2.41	4	1
1:A:16:GLY:O	1:A:20:ARG:CB	0.46	2.63	17	1
1:A:51:MET:HB3	1:A:62:LEU:CD2	0.46	2.40	12	1
1:A:49:GLN:OE1	1:A:49:GLN:O	0.46	2.33	14	3
1:A:117:ILE:N	1:A:125:VAL:CG1	0.46	2.78	8	4
1:A:60:LEU:HD22	1:A:60:LEU:O	0.46	2.10	2	1
1:A:27:ARG:HA	1:A:61:GLU:OE1	0.46	2.10	17	1
1:A:38:ASP:OD1	1:A:38:ASP:N	0.46	2.46	3	1
1:A:11:GLY:O	1:A:15:SER:HB3	0.46	2.10	16	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:THR:O	1:A:82:ASP:OD2	0.46	2.33	16	1
1:A:80:VAL:HG12	1:A:81:HIS:N	0.46	2.26	16	1
1:A:48:LEU:O	1:A:51:MET:SD	0.46	2.73	4	2
1:A:113:ILE:CD1	1:A:128:LEU:C	0.46	2.82	6	1
1:A:103:ASN:O	1:A:104:ALA:O	0.46	2.33	1	1
1:A:38:ASP:O	1:A:39:ALA:O	0.46	2.32	3	2
1:A:105:LEU:HD13	1:A:109:GLY:O	0.46	2.10	7	2
1:A:156:LEU:CD2	1:A:156:LEU:N	0.46	2.79	12	1
1:A:117:ILE:HG13	1:A:125:VAL:HG13	0.46	1.87	5	5
1:A:17:ALA:HB1	1:A:22:ASP:CB	0.46	2.40	20	1
1:A:33:GLU:OE1	1:A:35:VAL:CG1	0.46	2.62	20	1
1:A:115:LEU:H	1:A:115:LEU:HD12	0.46	1.71	13	2
1:A:110:SER:O	1:A:115:LEU:HD11	0.46	2.10	13	1
1:A:100:ALA:O	1:A:101:ASP:CG	0.46	2.53	19	1
1:A:114:HIS:CD2	1:A:138:ASP:OD1	0.46	2.68	6	2
1:A:21:GLY:O	1:A:22:ASP:C	0.46	2.53	18	2
1:A:116:ALA:CB	1:A:125:VAL:HG22	0.46	2.40	9	5
1:A:155:ASN:OD1	1:A:155:ASN:N	0.46	2.47	2	1
1:A:91:THR:HA	1:A:94:VAL:CG2	0.46	2.40	13	3
1:A:122:SER:O	1:A:126:SER:OG	0.46	2.34	17	3
1:A:62:LEU:HD12	1:A:62:LEU:N	0.46	2.25	9	1
1:A:26:VAL:HG11	1:A:58:VAL:HG12	0.46	1.86	10	1
1:A:89:LEU:HD11	1:A:127:PHE:CD2	0.46	2.46	10	2
1:A:143:THR:N	1:A:146:GLU:HB3	0.46	2.25	18	1
1:A:97:GLU:OE1	1:A:97:GLU:N	0.46	2.48	19	1
1:A:130:PRO:HA	1:A:134:LEU:CD1	0.46	2.41	19	1
1:A:99:GLY:O	1:A:100:ALA:O	0.46	2.33	4	2
1:A:128:LEU:O	1:A:132:SER:OG	0.46	2.34	3	1
1:A:60:LEU:O	1:A:64:LYS:HB2	0.46	2.11	1	10
1:A:26:VAL:CG1	1:A:58:VAL:HA	0.46	2.41	11	1
1:A:117:ILE:CG1	1:A:125:VAL:HG13	0.46	2.40	11	1
1:A:114:HIS:CE1	1:A:137:ARG:HA	0.46	2.45	11	1
1:A:27:ARG:O	1:A:31:HIS:HB2	0.46	2.11	9	9
1:A:156:LEU:HD23	1:A:156:LEU:H	0.46	1.70	18	2
1:A:137:ARG:CG	1:A:142:LEU:O	0.46	2.63	14	1
1:A:111:LEU:N	1:A:138:ASP:OD1	0.46	2.49	2	1
1:A:91:THR:O	1:A:95:LEU:HD23	0.46	2.11	8	2
1:A:154:GLN:CD	1:A:154:GLN:N	0.46	2.68	10	1
1:A:14:LEU:HD23	1:A:29:LEU:HB3	0.46	1.88	19	1
1:A:11:GLY:O	1:A:39:ALA:O	0.46	2.34	11	1
1:A:152:GLY:O	1:A:153:ALA:C	0.46	2.54	15	11

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:62:LEU:CD1	1:A:62:LEU:C	0.46	2.81	12	2
1:A:113:ILE:HD13	1:A:129:ALA:HA	0.46	1.85	6	2
1:A:23:VAL:O	1:A:27:ARG:HG2	0.46	2.10	16	2
1:A:55:SER:HB2	1:A:58:VAL:HG13	0.46	1.88	10	3
1:A:116:ALA:O	1:A:125:VAL:CG1	0.46	2.63	6	2
1:A:115:LEU:N	1:A:115:LEU:HD12	0.46	2.25	13	1
1:A:126:SER:OG	1:A:159:ILE:HG23	0.46	2.10	13	1
1:A:14:LEU:HB2	1:A:35:VAL:CB	0.46	2.41	4	1
1:A:14:LEU:HB3	1:A:35:VAL:CG2	0.46	2.39	1	1
1:A:22:ASP:CG	1:A:25:GLU:OE2	0.46	2.54	7	1
1:A:152:GLY:C	1:A:154:GLN:N	0.46	2.69	17	6
1:A:28:ARG:O	1:A:32:ARG:HB3	0.46	2.11	15	8
1:A:105:LEU:CD1	1:A:109:GLY:HA2	0.46	2.41	5	2
1:A:30:LEU:HD23	1:A:30:LEU:N	0.46	2.26	18	2
1:A:115:LEU:O	1:A:118:ARG:HG3	0.46	2.11	6	2
1:A:87:GLY:CA	1:A:121:HIS:NE2	0.46	2.79	1	1
1:A:50:VAL:O	1:A:51:MET:O	0.46	2.34	5	1
1:A:29:LEU:HD22	1:A:33:GLU:CD	0.46	2.25	11	1
1:A:52:MET:O	1:A:52:MET:SD	0.46	2.74	11	1
1:A:55:SER:O	1:A:91:THR:OG1	0.46	2.32	12	1
1:A:80:VAL:HG22	1:A:96:VAL:HG23	0.46	1.86	6	2
1:A:92:LEU:HG	1:A:96:VAL:CG2	0.46	2.40	7	3
1:A:121:HIS:HB3	1:A:124:VAL:HG23	0.46	1.88	18	2
1:A:23:VAL:HG13	1:A:24:GLN:HG3	0.46	1.87	20	1
1:A:14:LEU:CD2	1:A:29:LEU:HD13	0.46	2.40	20	1
1:A:152:GLY:O	1:A:153:ALA:O	0.46	2.34	18	2
1:A:84:ALA:HB1	1:A:116:ALA:HB2	0.46	1.87	13	2
1:A:145:LEU:CD1	1:A:161:GLN:HB3	0.46	2.40	15	1
1:A:78:SER:HB3	1:A:79:PRO:CD	0.46	2.41	8	1
1:A:145:LEU:HD22	1:A:161:GLN:CD	0.46	2.31	13	1
1:A:130:PRO:HB3	1:A:163:HIS:CG	0.46	2.46	9	1
1:A:65:GLN:CA	1:A:65:GLN:OE1	0.46	2.64	3	1
1:A:113:ILE:HD12	1:A:128:LEU:O	0.46	2.11	14	2
1:A:156:LEU:C	1:A:160:LEU:HD13	0.46	2.31	14	1
1:A:30:LEU:CD1	1:A:65:GLN:CG	0.46	2.94	2	1
1:A:133:ASP:N	1:A:133:ASP:OD1	0.46	2.48	15	1
1:A:117:ILE:HG12	1:A:160:LEU:CD1	0.46	2.41	8	1
1:A:37:PRO:HD3	1:A:65:GLN:NE2	0.46	2.26	13	1
1:A:36:HIS:CD2	1:A:36:HIS:O	0.46	2.69	9	1
1:A:55:SER:CB	1:A:58:VAL:HG13	0.45	2.41	10	4
1:A:35:VAL:CG1	1:A:36:HIS:N	0.45	2.78	11	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:59:ALA:O	1:A:63:LEU:HB3	0.45	2.12	17	3
1:A:154:GLN:N	1:A:156:LEU:CD2	0.45	2.79	12	1
1:A:155:ASN:O	1:A:159:ILE:HG13	0.45	2.11	15	5
1:A:148:ALA:O	1:A:152:GLY:HA2	0.45	2.11	2	2
1:A:20:ARG:O	1:A:52:MET:SD	0.45	2.74	15	4
1:A:30:LEU:HD12	1:A:61:GLU:C	0.45	2.31	6	1
1:A:133:ASP:OD1	1:A:136:HIS:CA	0.45	2.63	17	1
1:A:47:ALA:HB3	1:A:62:LEU:CD2	0.45	2.42	1	1
1:A:102:VAL:CG2	1:A:102:VAL:O	0.45	2.63	1	1
1:A:95:LEU:N	1:A:95:LEU:HD13	0.45	2.26	19	1
1:A:52:MET:SD	1:A:52:MET:O	0.45	2.74	3	1
1:A:61:GLU:O	1:A:65:GLN:HB2	0.45	2.12	11	1
1:A:155:ASN:HA	1:A:158:ASP:OD1	0.45	2.08	12	1
1:A:111:LEU:HB3	1:A:113:ILE:HG22	0.45	1.87	12	1
1:A:14:LEU:HD23	1:A:29:LEU:HD13	0.45	1.88	20	1
1:A:117:ILE:CB	1:A:147:LEU:HD23	0.45	2.40	4	1
1:A:113:ILE:HG23	1:A:114:HIS:N	0.45	2.26	4	1
1:A:153:ALA:O	1:A:156:LEU:HB3	0.45	2.12	4	1
1:A:133:ASP:CG	1:A:136:HIS:H	0.45	2.14	17	1
1:A:121:HIS:HB2	1:A:124:VAL:HG23	0.45	1.87	18	1
1:A:49:GLN:CG	1:A:71:VAL:HG23	0.45	2.40	19	1
1:A:37:PRO:HG3	1:A:66:GLY:CA	0.45	2.42	3	1
1:A:116:ALA:HB1	1:A:124:VAL:HG12	0.45	1.87	11	2
1:A:78:SER:O	1:A:82:ASP:OD1	0.45	2.34	16	1
1:A:21:GLY:O	1:A:22:ASP:OD1	0.45	2.34	20	1
1:A:11:GLY:HA2	1:A:39:ALA:CB	0.45	2.42	6	6
1:A:146:GLU:O	1:A:150:GLN:OE1	0.45	2.34	10	2
1:A:152:GLY:O	1:A:156:LEU:HB2	0.45	2.10	17	1
1:A:134:LEU:O	1:A:144:PRO:CG	0.45	2.64	17	1
1:A:23:VAL:CG2	1:A:55:SER:HB3	0.45	2.41	18	1
1:A:30:LEU:HD12	1:A:61:GLU:OE2	0.45	2.11	5	1
1:A:70:ASN:CG	1:A:101:ASP:OD2	0.45	2.51	20	1
1:A:155:ASN:O	1:A:159:ILE:HG12	0.45	2.10	9	4
1:A:14:LEU:HB2	1:A:35:VAL:CG1	0.45	2.41	5	3
1:A:36:HIS:CD2	1:A:39:ALA:HB2	0.45	2.47	9	1
1:A:54:GLY:HA2	1:A:88:PHE:CE1	0.45	2.47	10	1
1:A:20:ARG:HD2	1:A:22:ASP:OD2	0.45	2.12	5	1
1:A:16:GLY:O	1:A:20:ARG:HG3	0.45	2.11	11	3
1:A:83:ALA:HA	1:A:86:THR:OG1	0.45	2.12	16	5
1:A:130:PRO:O	1:A:132:SER:N	0.45	2.50	20	1
1:A:48:LEU:HD13	1:A:69:PRO:HA	0.45	1.89	14	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:81:HIS:O	1:A:115:LEU:HD12	0.45	2.12	10	1
1:A:47:ALA:CB	1:A:62:LEU:CD2	0.45	2.94	1	1
1:A:28:ARG:O	1:A:32:ARG:HB2	0.45	2.11	7	5
1:A:135:HIS:O	1:A:136:HIS:O	0.45	2.35	15	3
1:A:103:ASN:N	1:A:103:ASN:ND2	0.45	2.65	14	1
1:A:85:ARG:NE	1:A:115:LEU:HD13	0.45	2.27	2	2
1:A:49:GLN:NE2	1:A:71:VAL:HG23	0.45	2.27	1	2
1:A:59:ALA:HB3	1:A:94:VAL:CG2	0.45	2.42	13	1
1:A:85:ARG:CG	1:A:115:LEU:HB3	0.45	2.42	10	1
1:A:48:LEU:CD2	1:A:51:MET:HE1	0.45	2.42	7	1
1:A:136:HIS:CG	1:A:137:ARG:N	0.45	2.85	5	1
1:A:89:LEU:O	1:A:93:LYS:HB2	0.45	2.11	11	3
1:A:22:ASP:OD1	1:A:22:ASP:O	0.45	2.35	12	2
1:A:87:GLY:O	1:A:88:PHE:C	0.45	2.53	20	1
1:A:93:LYS:HG2	1:A:94:VAL:N	0.45	2.26	1	2
1:A:30:LEU:HD13	1:A:65:GLN:CG	0.45	2.42	8	2
1:A:91:THR:O	1:A:95:LEU:CD2	0.45	2.64	8	1
1:A:45:LYS:HE2	1:A:49:GLN:OE1	0.45	2.12	5	1
1:A:102:VAL:HG21	1:A:131:GLU:O	0.45	2.11	11	1
1:A:85:ARG:CG	1:A:119:GLU:OE2	0.45	2.64	11	1
1:A:53:PHE:O	1:A:88:PHE:CD2	0.45	2.68	16	1
1:A:102:VAL:O	1:A:112:PRO:HD2	0.45	2.12	20	1
1:A:105:LEU:HB3	1:A:110:SER:N	0.45	2.26	14	1
1:A:96:VAL:HG11	1:A:127:PHE:HE2	0.45	1.72	14	1
1:A:121:HIS:HB3	1:A:124:VAL:HG21	0.45	1.89	13	1
1:A:35:VAL:HG22	1:A:36:HIS:N	0.45	2.26	18	1
1:A:95:LEU:H	1:A:95:LEU:CD1	0.45	2.25	19	1
1:A:38:ASP:O	1:A:39:ALA:C	0.45	2.56	10	3
1:A:143:THR:N	1:A:146:GLU:HB2	0.45	2.27	17	5
1:A:105:LEU:HD12	1:A:111:LEU:CA	0.45	2.35	14	1
1:A:51:MET:HE3	1:A:95:LEU:CD2	0.45	2.41	2	1
1:A:138:ASP:OD1	1:A:138:ASP:N	0.45	2.50	4	1
1:A:89:LEU:CD2	1:A:123:SER:OG	0.45	2.65	18	1
1:A:87:GLY:CA	1:A:121:HIS:CE1	0.45	3.00	5	1
1:A:59:ALA:O	1:A:63:LEU:HD23	0.45	2.12	12	1
1:A:83:ALA:HB1	1:A:92:LEU:HD12	0.45	1.87	8	3
1:A:14:LEU:CD1	1:A:30:LEU:HD21	0.45	2.42	13	1
1:A:113:ILE:CA	1:A:128:LEU:HD12	0.45	2.42	10	1
1:A:51:MET:SD	1:A:51:MET:O	0.45	2.75	4	1
1:A:51:MET:CB	1:A:62:LEU:HD12	0.45	2.42	18	1
1:A:24:GLN:O	1:A:28:ARG:HG3	0.45	2.12	5	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:113:ILE:HD13	1:A:128:LEU:HB3	0.44	1.89	12	1
1:A:42:ARG:O	1:A:43:PHE:CG	0.44	2.70	16	1
1:A:105:LEU:CD2	1:A:111:LEU:HG	0.44	2.41	7	4
1:A:156:LEU:HA	1:A:159:ILE:HG13	0.44	1.89	6	3
1:A:59:ALA:O	1:A:63:LEU:HB2	0.44	2.12	10	2
1:A:150:GLN:HG2	1:A:151:ARG:N	0.44	2.26	17	1
1:A:92:LEU:HD23	1:A:93:LYS:CA	0.44	2.42	5	1
1:A:156:LEU:O	1:A:160:LEU:CD2	0.44	2.65	5	1
1:A:19:ALA:CA	1:A:51:MET:HA	0.44	2.42	3	1
1:A:19:ALA:HB2	1:A:51:MET:HA	0.44	1.88	3	1
1:A:134:LEU:O	1:A:135:HIS:HB3	0.44	2.11	12	3
1:A:58:VAL:HA	1:A:61:GLU:OE1	0.44	2.11	11	1
1:A:51:MET:SD	1:A:53:PHE:CE1	0.44	3.10	6	2
1:A:88:PHE:O	1:A:92:LEU:HB3	0.44	2.12	20	3
1:A:143:THR:HG22	1:A:144:PRO:CD	0.44	2.42	17	2
1:A:102:VAL:HG11	1:A:131:GLU:O	0.44	2.12	14	1
1:A:29:LEU:HD22	1:A:35:VAL:HG21	0.44	1.89	2	1
1:A:154:GLN:N	1:A:154:GLN:CD	0.44	2.68	9	1
1:A:25:GLU:O	1:A:29:LEU:N	0.44	2.47	6	1
1:A:100:ALA:O	1:A:101:ASP:C	0.44	2.56	5	4
1:A:10:VAL:CG2	1:A:35:VAL:HG13	0.44	2.42	4	1
1:A:92:LEU:CD1	1:A:96:VAL:CG2	0.44	2.95	7	1
1:A:55:SER:HB3	1:A:58:VAL:CG2	0.44	2.42	7	1
1:A:128:LEU:CD1	1:A:128:LEU:C	0.44	2.81	19	1
1:A:58:VAL:O	1:A:62:LEU:HD13	0.44	2.12	11	1
1:A:40:LEU:HB3	1:A:45:LYS:O	0.44	2.12	16	2
1:A:52:MET:O	1:A:53:PHE:C	0.44	2.55	17	5
1:A:148:ALA:O	1:A:157:MET:HG3	0.44	2.12	15	1
1:A:37:PRO:CG	1:A:65:GLN:HB3	0.44	2.42	10	1
1:A:119:GLU:OE1	1:A:121:HIS:NE2	0.44	2.43	17	1
1:A:41:ASN:N	1:A:41:ASN:OD1	0.44	2.49	1	1
1:A:14:LEU:CD2	1:A:37:PRO:HA	0.44	2.42	14	1
1:A:89:LEU:HD21	1:A:127:PHE:HB3	0.44	1.90	13	1
1:A:96:VAL:HG13	1:A:102:VAL:HG13	0.44	1.88	13	1
1:A:114:HIS:NE2	1:A:137:ARG:HD3	0.44	2.28	13	1
1:A:25:GLU:O	1:A:29:LEU:HG	0.44	2.12	6	1
1:A:34:LEU:HD23	1:A:34:LEU:N	0.44	2.27	3	1
1:A:11:GLY:HA2	1:A:39:ALA:CA	0.44	2.43	3	5
1:A:122:SER:O	1:A:126:SER:HB3	0.44	2.13	12	2
1:A:142:LEU:HB2	1:A:146:GLU:CB	0.44	2.43	2	1
1:A:93:LYS:CD	1:A:127:PHE:CE2	0.44	3.00	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:105:LEU:HD21	1:A:111:LEU:CD2	0.44	2.43	1	1
1:A:157:MET:O	1:A:161:GLN:HB2	0.44	2.13	1	1
1:A:140:SER:HB3	1:A:142:LEU:CD1	0.44	2.43	18	1
1:A:141:GLY:C	1:A:142:LEU:HD12	0.44	2.33	18	1
1:A:17:ALA:HB2	1:A:29:LEU:HD11	0.44	1.89	7	1
1:A:53:PHE:HA	1:A:91:THR:CB	0.44	2.43	7	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:45:LYS:O	0.44	2.63	19	1
1:A:63:LEU:CD2	1:A:98:HIS:CE1	0.44	2.92	5	1
1:A:53:PHE:HB2	1:A:88:PHE:CB	0.44	2.42	6	2
1:A:21:GLY:HA3	1:A:52:MET:CE	0.44	2.43	11	2
1:A:81:HIS:HD2	1:A:106:ASP:OD2	0.44	1.96	12	1
1:A:80:VAL:CG1	1:A:81:HIS:N	0.44	2.81	18	2
1:A:10:VAL:CG2	1:A:13:ARG:HB3	0.44	2.43	4	2
1:A:63:LEU:HA	1:A:67:ALA:HB3	0.44	1.88	20	2
1:A:51:MET:HE1	1:A:95:LEU:CD2	0.44	2.38	13	2
1:A:129:ALA:O	1:A:134:LEU:CD1	0.44	2.66	19	1
1:A:43:PHE:CD1	1:A:43:PHE:C	0.44	2.88	19	1
1:A:33:GLU:O	1:A:33:GLU:HG2	0.44	2.11	12	1
1:A:57:ALA:O	1:A:61:GLU:HG3	0.44	2.12	20	1
1:A:48:LEU:HD11	1:A:63:LEU:HG	0.44	1.88	14	1
1:A:129:ALA:N	1:A:130:PRO:HD2	0.44	2.28	13	3
1:A:126:SER:HB3	1:A:159:ILE:CD1	0.44	2.43	9	1
1:A:80:VAL:HG13	1:A:100:ALA:HB3	0.44	1.87	9	1
1:A:36:HIS:NE2	1:A:39:ALA:HA	0.44	2.27	9	1
1:A:134:LEU:O	1:A:144:PRO:HG2	0.44	2.12	17	1
1:A:121:HIS:CB	1:A:124:VAL:HB	0.44	2.43	19	2
1:A:30:LEU:HD11	1:A:62:LEU:CD2	0.44	2.35	19	1
1:A:32:ARG:O	1:A:34:LEU:CD2	0.44	2.66	3	1
1:A:27:ARG:HG3	1:A:28:ARG:N	0.44	2.28	11	1
1:A:30:LEU:CD1	1:A:62:LEU:HA	0.44	2.42	16	1
1:A:159:ILE:HG22	1:A:160:LEU:CD2	0.44	2.39	20	1
1:A:126:SER:HB2	1:A:159:ILE:HB	0.44	1.90	14	1
1:A:106:ASP:O	1:A:107:SER:HB3	0.44	2.13	14	1
1:A:30:LEU:HD12	1:A:61:GLU:CB	0.44	2.33	8	1
1:A:158:ASP:OD1	1:A:158:ASP:C	0.44	2.47	8	1
1:A:14:LEU:C	1:A:14:LEU:CD1	0.44	2.82	9	3
1:A:114:HIS:NE2	1:A:138:ASP:CG	0.44	2.71	10	1
1:A:51:MET:O	1:A:51:MET:SD	0.44	2.75	6	1
1:A:137:ARG:O	1:A:138:ASP:OD2	0.44	2.34	6	1
1:A:120:GLY:O	1:A:121:HIS:C	0.44	2.55	5	2
1:A:46:THR:OG1	1:A:49:GLN:HG3	0.44	2.13	17	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:GLU:O	1:A:33:GLU:OE1	0.44	2.36	1	1
1:A:18:ALA:HB1	1:A:51:MET:HG2	0.44	1.89	7	1
1:A:132:SER:O	1:A:133:ASP:C	0.44	2.57	14	12
1:A:24:GLN:O	1:A:28:ARG:HB3	0.44	2.13	11	1
1:A:30:LEU:CD1	1:A:65:GLN:HG3	0.44	2.43	13	1
1:A:109:GLY:O	1:A:138:ASP:CB	0.44	2.65	7	1
1:A:10:VAL:HG13	1:A:10:VAL:O	0.44	2.12	19	1
1:A:51:MET:HG2	1:A:52:MET:N	0.44	2.28	19	1
1:A:97:GLU:HG2	1:A:98:HIS:N	0.44	2.27	19	1
1:A:36:HIS:CD2	1:A:37:PRO:HD2	0.43	2.48	2	2
1:A:123:SER:O	1:A:127:PHE:HB2	0.43	2.13	11	2
1:A:11:GLY:O	1:A:41:ASN:CA	0.43	2.66	12	1
1:A:53:PHE:HB3	1:A:91:THR:CG2	0.43	2.42	12	1
1:A:47:ALA:O	1:A:51:MET:HB3	0.43	2.13	16	1
1:A:121:HIS:O	1:A:122:SER:HB2	0.43	2.13	16	2
1:A:53:PHE:CG	1:A:83:ALA:HB2	0.43	2.46	20	1
1:A:143:THR:CG2	1:A:146:GLU:OE2	0.43	2.66	20	1
1:A:13:ARG:CZ	1:A:13:ARG:HB2	0.43	2.43	9	1
1:A:113:ILE:CG1	1:A:128:LEU:HB3	0.43	2.43	10	1
1:A:14:LEU:HD12	1:A:47:ALA:CB	0.43	2.42	18	1
1:A:154:GLN:O	1:A:156:LEU:HD23	0.43	2.13	18	1
1:A:48:LEU:HD21	1:A:63:LEU:CD1	0.43	2.43	19	1
1:A:65:GLN:OE1	1:A:65:GLN:O	0.43	2.36	3	1
1:A:156:LEU:CD2	1:A:156:LEU:H	0.43	2.26	12	1
1:A:91:THR:HA	1:A:94:VAL:HG22	0.43	1.90	13	2
1:A:42:ARG:CD	1:A:42:ARG:C	0.43	2.86	9	1
1:A:142:LEU:HD13	1:A:147:LEU:CD1	0.43	2.43	17	1
1:A:21:GLY:CA	1:A:52:MET:CE	0.43	2.96	18	1
1:A:144:PRO:O	1:A:148:ALA:CB	0.43	2.66	7	1
1:A:156:LEU:O	1:A:160:LEU:HG	0.43	2.14	3	4
1:A:10:VAL:O	1:A:11:GLY:C	0.43	2.56	16	2
1:A:104:ALA:O	1:A:112:PRO:HD3	0.43	2.13	4	3
1:A:138:ASP:O	1:A:139:ALA:C	0.43	2.57	6	1
1:A:47:ALA:HB3	1:A:62:LEU:HD22	0.43	1.90	1	1
1:A:80:VAL:CG2	1:A:101:ASP:O	0.43	2.61	1	1
1:A:111:LEU:O	1:A:114:HIS:N	0.43	2.50	12	2
1:A:32:ARG:O	1:A:34:LEU:N	0.43	2.50	10	4
1:A:36:HIS:ND1	1:A:38:ASP:CG	0.43	2.71	2	1
1:A:80:VAL:HG23	1:A:81:HIS:N	0.43	2.29	10	2
1:A:106:ASP:O	1:A:108:THR:OG1	0.43	2.36	18	1
1:A:53:PHE:CA	1:A:91:THR:HG21	0.43	2.44	12	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:55:SER:OG	1:A:58:VAL:HG12	0.43	2.13	12	1
1:A:153:ALA:O	1:A:154:GLN:CD	0.43	2.57	20	1
1:A:159:ILE:CG1	1:A:160:LEU:HD12	0.43	2.44	14	1
1:A:138:ASP:C	1:A:140:SER:N	0.43	2.72	6	3
1:A:89:LEU:CD2	1:A:127:PHE:HB3	0.43	2.43	13	1
1:A:48:LEU:O	1:A:51:MET:HB2	0.43	2.14	13	1
1:A:92:LEU:HB3	1:A:127:PHE:CD2	0.43	2.49	9	1
1:A:153:ALA:C	1:A:154:GLN:NE2	0.43	2.72	4	1
1:A:119:GLU:HB3	1:A:121:HIS:NE2	0.43	2.28	17	1
1:A:51:MET:CB	1:A:62:LEU:CD1	0.43	2.95	18	1
1:A:114:HIS:CE1	1:A:138:ASP:HB3	0.43	2.48	7	1
1:A:10:VAL:O	1:A:13:ARG:HB2	0.43	2.14	5	1
1:A:48:LEU:O	1:A:51:MET:HG3	0.43	2.14	5	2
1:A:113:ILE:HA	1:A:128:LEU:HD22	0.43	1.91	12	1
1:A:22:ASP:OD2	1:A:29:LEU:HD12	0.43	2.14	20	1
1:A:55:SER:C	1:A:91:THR:OG1	0.43	2.57	13	4
1:A:152:GLY:O	1:A:156:LEU:HG	0.43	2.14	17	2
1:A:59:ALA:CB	1:A:94:VAL:CG2	0.43	2.96	13	1
1:A:13:ARG:HB2	1:A:13:ARG:NH1	0.43	2.28	9	1
1:A:25:GLU:OE1	1:A:29:LEU:HD12	0.43	2.14	9	1
1:A:26:VAL:CG2	1:A:58:VAL:HA	0.43	2.43	6	1
1:A:81:HIS:O	1:A:84:ALA:HB3	0.43	2.13	6	1
1:A:158:ASP:O	1:A:162:GLY:N	0.43	2.46	4	1
1:A:48:LEU:HG	1:A:62:LEU:HD11	0.43	1.89	17	1
1:A:53:PHE:CE2	1:A:95:LEU:CD1	0.43	2.99	1	1
1:A:96:VAL:CG1	1:A:131:GLU:OE1	0.43	2.64	3	1
1:A:48:LEU:O	1:A:51:MET:HG2	0.43	2.14	3	2
1:A:90:ASP:OD1	1:A:91:THR:HB	0.43	2.13	12	1
1:A:112:PRO:HB2	1:A:128:LEU:CD2	0.43	2.43	12	3
1:A:40:LEU:CD2	1:A:44:GLY:O	0.43	2.66	16	1
1:A:143:THR:CG2	1:A:144:PRO:HD2	0.43	2.39	14	1
1:A:122:SER:HA	1:A:125:VAL:CG2	0.43	2.43	15	1
1:A:146:GLU:OE2	1:A:149:ARG:NH2	0.43	2.51	15	1
1:A:59:ALA:CB	1:A:94:VAL:HG23	0.43	2.44	13	1
1:A:11:GLY:O	1:A:40:LEU:C	0.43	2.57	4	1
1:A:111:LEU:HB3	1:A:114:HIS:ND1	0.43	2.29	17	1
1:A:119:GLU:HB2	1:A:121:HIS:CD2	0.43	2.49	17	1
1:A:80:VAL:HG11	1:A:102:VAL:HB	0.43	1.90	1	1
1:A:63:LEU:CD1	1:A:95:LEU:HA	0.43	2.43	18	1
1:A:134:LEU:HD13	1:A:164:MET:CA	0.43	2.34	7	1
1:A:51:MET:HB2	1:A:62:LEU:CD1	0.43	2.43	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:96:VAL:HA	1:A:100:ALA:CB	0.43	2.44	3	2
1:A:112:PRO:HB2	1:A:128:LEU:HD21	0.43	1.90	12	1
1:A:142:LEU:HD11	1:A:147:LEU:HG	0.43	1.89	2	1
1:A:89:LEU:CD2	1:A:93:LYS:HD3	0.43	2.43	2	1
1:A:121:HIS:O	1:A:122:SER:C	0.43	2.56	19	3
1:A:156:LEU:HA	1:A:159:ILE:CG1	0.43	2.43	8	1
1:A:113:ILE:HA	1:A:128:LEU:CD2	0.43	2.43	13	1
1:A:14:LEU:HD11	1:A:30:LEU:HD11	0.43	1.89	10	1
1:A:142:LEU:CA	1:A:146:GLU:HB3	0.43	2.43	6	2
1:A:121:HIS:O	1:A:122:SER:HB3	0.43	2.14	18	1
1:A:15:SER:HA	1:A:47:ALA:CB	0.43	2.44	7	2
1:A:85:ARG:O	1:A:121:HIS:NE2	0.43	2.52	8	1
1:A:15:SER:HB3	1:A:41:ASN:OD1	0.43	2.14	17	1
1:A:77:THR:HG23	1:A:81:HIS:CB	0.43	2.44	18	1
1:A:29:LEU:HA	1:A:33:GLU:CB	0.43	2.44	7	1
1:A:53:PHE:HA	1:A:91:THR:CG2	0.43	2.43	7	1
1:A:21:GLY:CA	1:A:52:MET:HG2	0.43	2.44	16	1
1:A:79:PRO:C	1:A:82:ASP:OD2	0.43	2.58	20	1
1:A:57:ALA:O	1:A:61:GLU:HB2	0.43	2.14	17	2
1:A:106:ASP:OD1	1:A:107:SER:N	0.43	2.52	15	1
1:A:41:ASN:O	1:A:42:ARG:C	0.43	2.56	10	2
1:A:138:ASP:OD1	1:A:142:LEU:O	0.43	2.36	9	1
1:A:14:LEU:O	1:A:18:ALA:HB3	0.43	2.13	10	1
1:A:145:LEU:O	1:A:148:ALA:HB3	0.43	2.14	6	1
1:A:102:VAL:HG23	1:A:131:GLU:O	0.43	2.14	5	1
1:A:128:LEU:HD13	1:A:132:SER:OG	0.42	2.13	11	2
1:A:50:VAL:O	1:A:51:MET:C	0.42	2.57	4	7
1:A:110:SER:O	1:A:111:LEU:C	0.42	2.57	12	3
1:A:11:GLY:HA2	1:A:40:LEU:O	0.42	2.13	16	1
1:A:96:VAL:CG1	1:A:127:PHE:CE2	0.42	3.01	16	1
1:A:59:ALA:CB	1:A:94:VAL:HB	0.42	2.44	2	1
1:A:53:PHE:HA	1:A:91:THR:HG21	0.42	1.90	7	2
1:A:24:GLN:HB2	1:A:25:GLU:OE2	0.42	2.14	8	1
1:A:49:GLN:O	1:A:49:GLN:OE1	0.42	2.37	8	1
1:A:49:GLN:HE21	1:A:71:VAL:HG23	0.42	1.74	1	1
1:A:142:LEU:HB2	1:A:146:GLU:CD	0.42	2.17	19	1
1:A:52:MET:C	1:A:54:GLY:N	0.42	2.72	19	1
1:A:100:ALA:C	1:A:101:ASP:CG	0.42	2.78	19	1
1:A:137:ARG:CD	1:A:143:THR:HG22	0.42	2.44	5	1
1:A:37:PRO:HG2	1:A:66:GLY:O	0.42	2.13	3	1
1:A:11:GLY:HA3	1:A:40:LEU:N	0.42	2.29	12	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:158:ASP:OD1	1:A:159:ILE:CG1	0.42	2.50	16	1
1:A:60:LEU:HB2	1:A:94:VAL:CG1	0.42	2.44	7	2
1:A:97:GLU:HG3	1:A:98:HIS:N	0.42	2.29	2	1
1:A:108:THR:O	1:A:109:GLY:C	0.42	2.57	15	1
1:A:157:MET:SD	1:A:157:MET:C	0.42	2.98	19	2
1:A:93:LYS:HG3	1:A:127:PHE:CZ	0.42	2.48	6	1
1:A:153:ALA:C	1:A:154:GLN:CD	0.42	2.78	4	1
1:A:19:ALA:O	1:A:52:MET:HG3	0.42	2.14	17	1
1:A:137:ARG:HG2	1:A:143:THR:HG22	0.42	1.90	5	1
1:A:71:VAL:O	1:A:78:SER:HB2	0.42	2.14	1	2
1:A:111:LEU:HD23	1:A:113:ILE:HG21	0.42	1.89	14	1
1:A:20:ARG:CD	1:A:22:ASP:HB2	0.42	2.44	15	1
1:A:105:LEU:CD2	1:A:111:LEU:CA	0.42	2.97	18	1
1:A:24:GLN:O	1:A:28:ARG:HG2	0.42	2.14	19	1
1:A:89:LEU:HG	1:A:123:SER:CB	0.42	2.44	11	1
1:A:105:LEU:HD22	1:A:109:GLY:C	0.42	2.33	11	1
1:A:77:THR:O	1:A:78:SER:O	0.42	2.37	16	1
1:A:153:ALA:HB3	1:A:156:LEU:HD21	0.42	1.89	14	1
1:A:53:PHE:CE2	1:A:92:LEU:HD13	0.42	2.49	2	1
1:A:156:LEU:O	1:A:159:ILE:HG13	0.42	2.15	8	1
1:A:111:LEU:CD2	1:A:112:PRO:HD2	0.42	2.45	13	1
1:A:11:GLY:O	1:A:15:SER:OG	0.42	2.35	12	1
1:A:89:LEU:CD1	1:A:123:SER:HB3	0.42	2.43	16	1
1:A:137:ARG:HG3	1:A:142:LEU:O	0.42	2.14	14	1
1:A:93:LYS:HE2	1:A:127:PHE:CE1	0.42	2.49	8	1
1:A:134:LEU:O	1:A:135:HIS:HB2	0.42	2.13	8	1
1:A:112:PRO:HB2	1:A:128:LEU:CD1	0.42	2.45	8	1
1:A:57:ALA:O	1:A:61:GLU:CD	0.42	2.57	13	1
1:A:106:ASP:C	1:A:107:SER:OG	0.42	2.57	17	1
1:A:92:LEU:CG	1:A:96:VAL:HG21	0.42	2.44	7	1
1:A:93:LYS:CB	1:A:127:PHE:CE1	0.42	3.03	5	1
1:A:90:ASP:OD1	1:A:91:THR:CB	0.42	2.67	5	1
1:A:57:ALA:CA	1:A:61:GLU:OE1	0.42	2.67	3	1
1:A:37:PRO:HB3	1:A:65:GLN:CG	0.42	2.44	11	1
1:A:92:LEU:O	1:A:96:VAL:N	0.42	2.47	11	1
1:A:155:ASN:C	1:A:159:ILE:HD12	0.42	2.35	13	1
1:A:78:SER:OG	1:A:79:PRO:HD2	0.42	2.15	18	1
1:A:115:LEU:HD22	1:A:118:ARG:NH2	0.42	2.29	19	1
1:A:49:GLN:NE2	1:A:78:SER:HA	0.42	2.29	14	1
1:A:121:HIS:O	1:A:124:VAL:HB	0.42	2.15	2	1
1:A:148:ALA:CB	1:A:160:LEU:HG	0.42	2.44	10	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:41:ASN:OD1	1:A:43:PHE:HB2	0.42	2.15	10	1
1:A:42:ARG:CG	1:A:43:PHE:N	0.42	2.82	10	1
1:A:52:MET:HG3	1:A:52:MET:O	0.42	2.14	4	1
1:A:110:SER:O	1:A:114:HIS:HB2	0.42	2.15	17	1
1:A:90:ASP:N	1:A:90:ASP:OD1	0.42	2.51	17	1
1:A:92:LEU:HD21	1:A:127:PHE:CE2	0.42	2.48	19	1
1:A:20:ARG:HG3	1:A:21:GLY:N	0.42	2.29	5	1
1:A:25:GLU:OE2	1:A:26:VAL:CA	0.42	2.68	5	1
1:A:48:LEU:HD21	1:A:63:LEU:HD12	0.42	1.92	5	1
1:A:55:SER:CB	1:A:58:VAL:CG1	0.42	2.98	3	1
1:A:30:LEU:CD1	1:A:61:GLU:HB3	0.42	2.44	11	1
1:A:84:ALA:HB2	1:A:128:LEU:CD1	0.42	2.45	12	1
1:A:45:LYS:HB3	1:A:50:VAL:HG13	0.42	1.90	16	1
1:A:143:THR:HB	1:A:144:PRO:HD2	0.42	1.91	17	7
1:A:156:LEU:CA	1:A:160:LEU:HD13	0.42	2.44	14	1
1:A:160:LEU:O	1:A:164:MET:HG3	0.42	2.13	14	1
1:A:11:GLY:HA3	1:A:40:LEU:O	0.42	2.14	15	2
1:A:90:ASP:O	1:A:93:LYS:HD2	0.42	2.15	9	1
1:A:156:LEU:CG	1:A:157:MET:N	0.42	2.82	19	2
1:A:80:VAL:HG12	1:A:81:HIS:ND1	0.42	2.30	12	1
1:A:160:LEU:O	1:A:164:MET:CB	0.42	2.67	20	2
1:A:147:LEU:O	1:A:150:GLN:HB2	0.42	2.13	14	1
1:A:48:LEU:HD23	1:A:68:SER:O	0.42	2.15	10	1
1:A:113:ILE:CD1	1:A:129:ALA:CA	0.42	2.97	6	1
1:A:52:MET:SD	1:A:54:GLY:HA3	0.42	2.55	6	2
1:A:12:ASP:OD1	1:A:12:ASP:C	0.42	2.58	4	1
1:A:12:ASP:O	1:A:13:ARG:C	0.42	2.57	1	1
1:A:137:ARG:HB3	1:A:142:LEU:O	0.42	2.14	1	1
1:A:59:ALA:O	1:A:63:LEU:HG	0.42	2.14	7	1
1:A:27:ARG:NH1	1:A:27:ARG:HB3	0.42	2.30	7	1
1:A:12:ASP:CB	1:A:41:ASN:HA	0.42	2.44	3	1
1:A:58:VAL:HG13	1:A:59:ALA:N	0.42	2.29	12	1
1:A:23:VAL:O	1:A:27:ARG:CG	0.42	2.68	16	1
1:A:102:VAL:O	1:A:112:PRO:CD	0.42	2.67	20	1
1:A:142:LEU:C	1:A:143:THR:OG1	0.42	2.57	13	2
1:A:133:ASP:OD2	1:A:136:HIS:CD2	0.42	2.69	2	1
1:A:134:LEU:CD2	1:A:163:HIS:O	0.42	2.68	8	1
1:A:76:GLY:H	1:A:106:ASP:CG	0.42	2.14	8	1
1:A:137:ARG:NH2	1:A:147:LEU:HG	0.42	2.30	13	1
1:A:130:PRO:HG3	1:A:163:HIS:CD2	0.42	2.50	9	1
1:A:97:GLU:C	1:A:131:GLU:OE2	0.42	2.57	9	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:62:LEU:HD12	1:A:62:LEU:H	0.42	1.75	9	1
1:A:23:VAL:HA	1:A:26:VAL:CG1	0.42	2.45	6	1
1:A:23:VAL:O	1:A:27:ARG:HG3	0.42	2.15	7	1
1:A:144:PRO:CA	1:A:160:LEU:HD12	0.42	2.45	7	1
1:A:51:MET:HG3	1:A:58:VAL:HG12	0.42	1.90	19	1
1:A:92:LEU:HA	1:A:95:LEU:CD1	0.42	2.45	19	1
1:A:14:LEU:CD1	1:A:14:LEU:C	0.41	2.84	16	2
1:A:19:ALA:O	1:A:52:MET:HG2	0.41	2.15	20	2
1:A:102:VAL:HG12	1:A:128:LEU:HD11	0.41	1.92	16	1
1:A:156:LEU:O	1:A:160:LEU:HD23	0.41	2.14	10	2
1:A:80:VAL:CG1	1:A:96:VAL:HG22	0.41	2.45	8	1
1:A:89:LEU:CD1	1:A:93:LYS:HD2	0.41	2.45	6	1
1:A:160:LEU:O	1:A:164:MET:HB2	0.41	2.15	17	1
1:A:142:LEU:HA	1:A:146:GLU:OE2	0.41	2.13	19	1
1:A:78:SER:HB2	1:A:79:PRO:HD2	0.41	1.92	3	1
1:A:80:VAL:CG2	1:A:96:VAL:CG2	0.41	2.98	3	2
1:A:55:SER:C	1:A:91:THR:HG1	0.41	2.19	6	1
1:A:10:VAL:HG21	1:A:35:VAL:HG13	0.41	1.93	4	1
1:A:110:SER:CB	1:A:138:ASP:OD2	0.41	2.66	18	1
1:A:45:LYS:CE	1:A:49:GLN:OE1	0.41	2.69	5	1
1:A:32:ARG:O	1:A:34:LEU:HG	0.41	2.16	3	1
1:A:154:GLN:NE2	1:A:156:LEU:CB	0.41	2.83	3	1
1:A:111:LEU:HB2	1:A:114:HIS:ND1	0.41	2.29	18	2
1:A:17:ALA:O	1:A:20:ARG:HG2	0.41	2.15	2	1
1:A:112:PRO:C	1:A:128:LEU:HD12	0.41	2.35	10	1
1:A:15:SER:CB	1:A:41:ASN:OD1	0.41	2.69	17	1
1:A:63:LEU:CG	1:A:64:LYS:N	0.41	2.83	7	1
1:A:77:THR:N	1:A:106:ASP:OD2	0.41	2.46	19	1
1:A:148:ALA:CB	1:A:160:LEU:CD1	0.41	2.94	2	1
1:A:37:PRO:N	1:A:65:GLN:NE2	0.41	2.68	13	1
1:A:33:GLU:C	1:A:33:GLU:OE1	0.41	2.57	7	1
1:A:53:PHE:CD2	1:A:83:ALA:HB1	0.41	2.51	7	1
1:A:160:LEU:N	1:A:160:LEU:HD12	0.41	2.31	11	2
1:A:71:VAL:HG23	1:A:71:VAL:O	0.41	2.14	11	1
1:A:87:GLY:C	1:A:89:LEU:N	0.41	2.72	20	1
1:A:126:SER:HB2	1:A:159:ILE:CB	0.41	2.45	14	1
1:A:23:VAL:HG23	1:A:57:ALA:HB1	0.41	1.87	15	1
1:A:153:ALA:HB3	1:A:154:GLN:NE2	0.41	2.30	8	1
1:A:59:ALA:HB3	1:A:94:VAL:HG21	0.41	1.91	13	1
1:A:113:ILE:CB	1:A:128:LEU:HB3	0.41	2.45	10	1
1:A:143:THR:OG1	1:A:144:PRO:HD2	0.41	2.16	18	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:103:ASN:OD1	1:A:132:SER:HA	0.41	2.15	19	1
1:A:108:THR:CG2	1:A:110:SER:OG	0.41	2.68	5	1
1:A:56:PRO:HA	1:A:91:THR:OG1	0.41	2.16	12	1
1:A:71:VAL:O	1:A:78:SER:HA	0.41	2.16	16	1
1:A:14:LEU:HB3	1:A:39:ALA:HB3	0.41	1.92	13	1
1:A:161:GLN:O	1:A:164:MET:HB2	0.41	2.16	9	1
1:A:22:ASP:C	1:A:22:ASP:OD1	0.41	2.57	18	1
1:A:109:GLY:O	1:A:138:ASP:HB2	0.41	2.15	7	1
1:A:60:LEU:O	1:A:64:LYS:HG3	0.41	2.16	5	1
1:A:19:ALA:HA	1:A:52:MET:N	0.41	2.31	5	1
1:A:62:LEU:CG	1:A:63:LEU:N	0.41	2.84	7	2
1:A:25:GLU:O	1:A:29:LEU:HB2	0.41	2.16	8	3
1:A:116:ALA:CB	1:A:125:VAL:HA	0.41	2.46	12	1
1:A:136:HIS:O	1:A:137:ARG:HG3	0.41	2.16	14	1
1:A:19:ALA:HB2	1:A:50:VAL:HG23	0.41	1.93	14	1
1:A:137:ARG:HG3	1:A:142:LEU:N	0.41	2.31	13	1
1:A:48:LEU:CD2	1:A:69:PRO:HA	0.41	2.46	6	1
1:A:53:PHE:CD1	1:A:53:PHE:N	0.41	2.88	18	1
1:A:63:LEU:HD21	1:A:69:PRO:HG3	0.41	1.92	19	1
1:A:80:VAL:HG11	1:A:112:PRO:CG	0.41	2.45	5	1
1:A:14:LEU:CD1	1:A:47:ALA:HB1	0.41	2.46	18	2
1:A:86:THR:O	1:A:121:HIS:CE1	0.41	2.74	20	1
1:A:30:LEU:HD13	1:A:65:GLN:HG2	0.41	1.93	20	1
1:A:106:ASP:CG	1:A:107:SER:N	0.41	2.73	15	1
1:A:130:PRO:HB3	1:A:163:HIS:ND1	0.41	2.31	9	1
1:A:46:THR:OG1	1:A:49:GLN:OE1	0.41	2.37	17	1
1:A:150:GLN:OE1	1:A:151:ARG:HG3	0.41	2.16	17	1
1:A:110:SER:OG	1:A:138:ASP:OD2	0.41	2.27	18	1
1:A:19:ALA:O	1:A:52:MET:HB2	0.41	2.16	7	1
1:A:14:LEU:HD11	1:A:47:ALA:CB	0.41	2.45	19	1
1:A:52:MET:CE	1:A:54:GLY:CA	0.41	2.98	3	1
1:A:78:SER:HB2	1:A:80:VAL:HG22	0.41	1.92	11	1
1:A:12:ASP:CG	1:A:12:ASP:O	0.41	2.59	11	1
1:A:64:LYS:O	1:A:65:GLN:C	0.41	2.58	10	2
1:A:36:HIS:ND1	1:A:37:PRO:HD2	0.41	2.31	16	1
1:A:89:LEU:CD1	1:A:93:LYS:HE2	0.41	2.46	14	1
1:A:51:MET:SD	1:A:62:LEU:HD12	0.41	2.56	2	1
1:A:92:LEU:O	1:A:95:LEU:HD23	0.41	2.16	6	1
1:A:128:LEU:HD23	1:A:132:SER:OG	0.41	2.16	6	1
1:A:60:LEU:CD2	1:A:64:LYS:HG3	0.41	2.45	6	1
1:A:106:ASP:O	1:A:107:SER:OG	0.41	2.39	17	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:GLU:N	1:A:25:GLU:OE1	0.41	2.54	7	1
1:A:20:ARG:HG2	1:A:22:ASP:CG	0.41	2.30	12	1
1:A:136:HIS:C	1:A:137:ARG:CD	0.41	2.90	14	1
1:A:144:PRO:CA	1:A:160:LEU:HD23	0.41	2.46	14	1
1:A:146:GLU:OE1	1:A:146:GLU:C	0.41	2.59	15	1
1:A:55:SER:O	1:A:58:VAL:HB	0.41	2.16	8	1
1:A:89:LEU:CD2	1:A:127:PHE:CD1	0.41	3.03	13	1
1:A:76:GLY:C	1:A:106:ASP:OD2	0.41	2.59	19	1
1:A:66:GLY:O	1:A:67:ALA:C	0.41	2.59	5	1
1:A:45:LYS:HB3	1:A:50:VAL:CG1	0.40	2.46	16	1
1:A:40:LEU:CB	1:A:43:PHE:HA	0.40	2.46	20	1
1:A:32:ARG:O	1:A:33:GLU:C	0.40	2.59	10	1
1:A:32:ARG:C	1:A:34:LEU:N	0.40	2.74	10	1
1:A:137:ARG:C	1:A:138:ASP:OD2	0.40	2.60	6	1
1:A:105:LEU:HD23	1:A:111:LEU:CA	0.40	2.43	4	1
1:A:152:GLY:HA2	1:A:157:MET:SD	0.40	2.56	4	1
1:A:27:ARG:NE	1:A:61:GLU:CD	0.40	2.62	17	1
1:A:23:VAL:HG13	1:A:24:GLN:N	0.40	2.31	20	1
1:A:153:ALA:O	1:A:156:LEU:HB2	0.40	2.16	2	1
1:A:42:ARG:O	1:A:43:PHE:C	0.40	2.59	2	1
1:A:26:VAL:CB	1:A:61:GLU:OE2	0.40	2.66	8	1
1:A:51:MET:HG3	1:A:62:LEU:CD2	0.40	2.46	13	1
1:A:110:SER:OG	1:A:138:ASP:OD1	0.40	2.34	1	1
1:A:30:LEU:CD2	1:A:35:VAL:HG12	0.40	2.46	18	1
1:A:60:LEU:CD1	1:A:60:LEU:O	0.40	2.69	19	1
1:A:127:PHE:CD2	1:A:128:LEU:N	0.40	2.89	5	1
1:A:22:ASP:O	1:A:26:VAL:HG23	0.40	2.17	11	1
1:A:141:GLY:O	1:A:142:LEU:HG	0.40	2.16	18	2
1:A:146:GLU:OE1	1:A:146:GLU:HA	0.40	2.17	14	1
1:A:90:ASP:O	1:A:94:VAL:HG23	0.40	2.17	15	1
1:A:14:LEU:CD2	1:A:14:LEU:C	0.40	2.89	9	1
1:A:145:LEU:CD2	1:A:145:LEU:O	0.40	2.70	6	1
1:A:53:PHE:CA	1:A:91:THR:HB	0.40	2.45	7	1
1:A:83:ALA:O	1:A:86:THR:OG1	0.40	2.40	19	1
1:A:77:THR:HA	1:A:81:HIS:ND1	0.40	2.32	19	1
1:A:129:ALA:O	1:A:134:LEU:HD12	0.40	2.17	19	1
1:A:93:LYS:HA	1:A:127:PHE:CE2	0.40	2.51	11	1
1:A:15:SER:OG	1:A:39:ALA:O	0.40	2.33	11	1
1:A:25:GLU:OE1	1:A:29:LEU:HG	0.40	2.16	20	1
1:A:14:LEU:HD23	1:A:35:VAL:HG21	0.40	1.92	20	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:45:LYS:C	0.40	2.88	20	1

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:69:PRO:HB2	1:A:100:ALA:HB1	0.40	1.92	2	1
1:A:30:LEU:HG	1:A:61:GLU:OE2	0.40	2.16	15	1
1:A:148:ALA:O	1:A:152:GLY:HA3	0.40	2.16	8	1
1:A:47:ALA:HB3	1:A:62:LEU:HD13	0.40	1.93	13	1
1:A:160:LEU:O	1:A:164:MET:HB3	0.40	2.16	10	1
1:A:52:MET:SD	1:A:54:GLY:CA	0.40	3.10	6	1
1:A:111:LEU:CD1	1:A:112:PRO:HD2	0.40	2.46	4	1
1:A:134:LEU:HA	1:A:134:LEU:HD23	0.40	1.81	4	1
1:A:152:GLY:O	1:A:156:LEU:CG	0.40	2.69	17	1
1:A:107:SER:O	1:A:108:THR:C	0.40	2.59	1	1
1:A:14:LEU:HD12	1:A:47:ALA:HB2	0.40	1.93	18	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:45:LYS:O	0.40	2.16	18	1
1:A:42:ARG:O	1:A:43:PHE:HB2	0.40	2.14	16	1
1:A:130:PRO:O	1:A:131:GLU:C	0.40	2.59	20	1
1:A:53:PHE:CD2	1:A:92:LEU:HA	0.40	2.51	14	1
1:A:25:GLU:O	1:A:29:LEU:CD2	0.40	2.70	14	1
1:A:89:LEU:HD22	1:A:93:LYS:CD	0.40	2.46	2	1
1:A:91:THR:O	1:A:94:VAL:HG22	0.40	2.17	8	1
1:A:40:LEU:HA	1:A:45:LYS:O	0.40	2.17	13	2
1:A:51:MET:CE	1:A:53:PHE:CZ	0.40	3.05	6	1
1:A:14:LEU:HD21	1:A:62:LEU:HD23	0.40	1.94	1	1
1:A:128:LEU:CD2	1:A:128:LEU:C	0.40	2.87	19	1
1:A:24:GLN:O	1:A:28:ARG:CG	0.40	2.70	19	1
1:A:26:VAL:O	1:A:61:GLU:OE1	0.40	2.39	5	1
1:A:55:SER:HB2	1:A:58:VAL:CG2	0.40	2.47	5	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	152/168 (90%)	107±4 (71±3%)	35±5 (23±3%)	10±3 (7±2%)	3	19
All	All	3040/3360 (90%)	2148 (71%)	692 (23%)	200 (7%)	3	19

All 50 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	154	GLN	17
1	A	135	HIS	11
1	A	153	ALA	10
1	A	133	ASP	10
1	A	99	GLY	8
1	A	101	ASP	8
1	A	150	GLN	8
1	A	100	ALA	7
1	A	53	PHE	7
1	A	44	GLY	7
1	A	66	GLY	7
1	A	122	SER	7
1	A	121	HIS	7
1	A	136	HIS	5
1	A	10	VAL	5
1	A	39	ALA	5
1	A	152	GLY	5
1	A	76	GLY	5
1	A	134	LEU	4
1	A	164	MET	4
1	A	41	ASN	4
1	A	87	GLY	4
1	A	51	MET	4
1	A	143	THR	3
1	A	43	PHE	3
1	A	54	GLY	3
1	A	42	ARG	3
1	A	11	GLY	3
1	A	33	GLU	2
1	A	108	THR	2
1	A	22	ASP	2
1	A	107	SER	2
1	A	56	PRO	1
1	A	21	GLY	1
1	A	40	LEU	1
1	A	13	ARG	1
1	A	141	GLY	1
1	A	37	PRO	1
1	A	35	VAL	1
1	A	104	ALA	1
1	A	139	ALA	1
1	A	70	ASN	1
1	A	78	SER	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	131	GLU	1
1	A	94	VAL	1
1	A	64	LYS	1
1	A	111	LEU	1
1	A	68	SER	1
1	A	88	PHE	1
1	A	67	ALA	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	121/135 (90%)	77±6 (64±5%)	44±6 (36±5%)	1	9
All	All	2420/2700 (90%)	1548 (64%)	872 (36%)	1	9

All 110 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	128	LEU	20
1	A	140	SER	17
1	A	32	ARG	17
1	A	143	THR	16
1	A	90	ASP	16
1	A	118	ARG	15
1	A	36	HIS	15
1	A	78	SER	15
1	A	154	GLN	14
1	A	147	LEU	14
1	A	160	LEU	14
1	A	31	HIS	13
1	A	42	ARG	13
1	A	80	VAL	13
1	A	149	ARG	13
1	A	107	SER	12
1	A	146	GLU	12
1	A	52	MET	12

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	115	LEU	12
1	A	105	LEU	12
1	A	123	SER	12
1	A	82	ASP	12
1	A	137	ARG	12
1	A	97	GLU	12
1	A	38	ASP	11
1	A	68	SER	11
1	A	113	ILE	11
1	A	25	GLU	11
1	A	51	MET	11
1	A	150	GLN	11
1	A	110	SER	11
1	A	138	ASP	11
1	A	159	ILE	11
1	A	108	THR	11
1	A	103	ASN	11
1	A	85	ARG	10
1	A	145	LEU	10
1	A	15	SER	10
1	A	106	ASP	10
1	A	93	LYS	10
1	A	43	PHE	10
1	A	161	GLN	10
1	A	77	THR	9
1	A	164	MET	9
1	A	61	GLU	9
1	A	33	GLU	9
1	A	12	ASP	9
1	A	98	HIS	9
1	A	65	GLN	9
1	A	28	ARG	8
1	A	40	LEU	8
1	A	133	ASP	8
1	A	102	VAL	8
1	A	158	ASP	8
1	A	30	LEU	8
1	A	63	LEU	8
1	A	20	ARG	8
1	A	156	LEU	8
1	A	151	ARG	7
1	A	70	ASN	7

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	62	LEU	7
1	A	135	HIS	7
1	A	10	VAL	7
1	A	111	LEU	7
1	A	122	SER	7
1	A	29	LEU	6
1	A	55	SER	6
1	A	27	ARG	6
1	A	48	LEU	6
1	A	34	LEU	6
1	A	24	GLN	6
1	A	46	THR	6
1	A	119	GLU	6
1	A	13	ARG	6
1	A	91	THR	5
1	A	131	GLU	5
1	A	142	LEU	5
1	A	14	LEU	5
1	A	101	ASP	5
1	A	22	ASP	5
1	A	49	GLN	5
1	A	136	HIS	4
1	A	95	LEU	4
1	A	89	LEU	4
1	A	60	LEU	4
1	A	94	VAL	4
1	A	157	MET	4
1	A	64	LYS	4
1	A	53	PHE	4
1	A	35	VAL	3
1	A	124	VAL	3
1	A	132	SER	3
1	A	96	VAL	3
1	A	163	HIS	3
1	A	45	LYS	3
1	A	125	VAL	3
1	A	81	HIS	2
1	A	134	LEU	2
1	A	72	GLN	2
1	A	155	ASN	2
1	A	58	VAL	2
1	A	50	VAL	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	41	ASN	2
1	A	121	HIS	2
1	A	92	LEU	1
1	A	86	THR	1
1	A	88	PHE	1
1	A	23	VAL	1
1	A	26	VAL	1
1	A	126	SER	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

No chemical shift data were provided