



Full wwPDB X-ray Structure Validation Report ⓘ

Feb 1, 2016 – 02:46 AM GMT

PDB ID : 2INY
Title : Nanoporous Crystals of Chicken Embryo Lethal Orphan (CELO) Adenovirus
Major Coat Protein, Hexon
Authors : Xu, L.; Benson, S.D.; Burnett, R.M.
Deposited on : 2006-10-09
Resolution : 3.90 Å(reported)

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

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

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

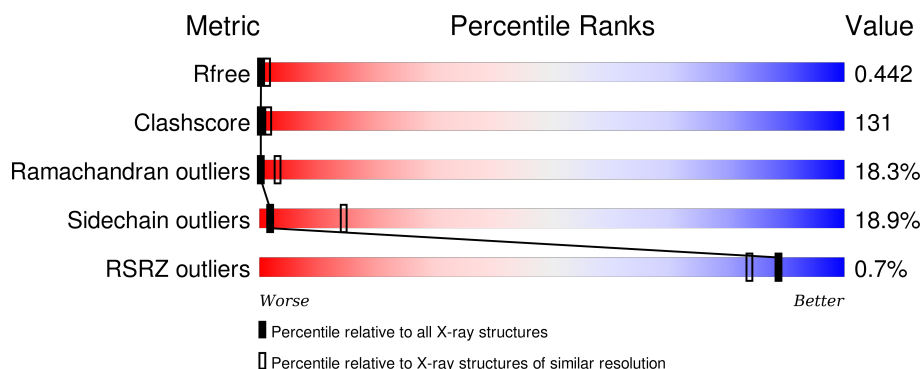
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

X-RAY DIFFRACTION

The reported resolution of this entry is 3.90 Å.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	Similar resolution (#Entries, resolution range(Å))
R_{free}	91344	1014 (4.28-3.52)
Clashscore	102246	1031 (4.24-3.56)
Ramachandran outliers	100387	1012 (4.26-3.54)
Sidechain outliers	100360	1004 (4.26-3.54)
RSRZ outliers	91569	1018 (4.28-3.52)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the electron density. The red, orange, yellow and green segments on the lower bar indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 3 , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria. A grey segment represents the fraction of residues that are not modelled. The numeric value for each fraction is indicated below the corresponding segment, with a dot representing fractions $\leq 5\%$. The upper red bar (where present) indicates the fraction of residues that have poor fit to the electron density. The numeric value is given above the bar.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	942	<div> <div></div> <div>27%</div> <div>47%</div> <div>22%</div> <div>.</div> </div>

2 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 7523 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

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

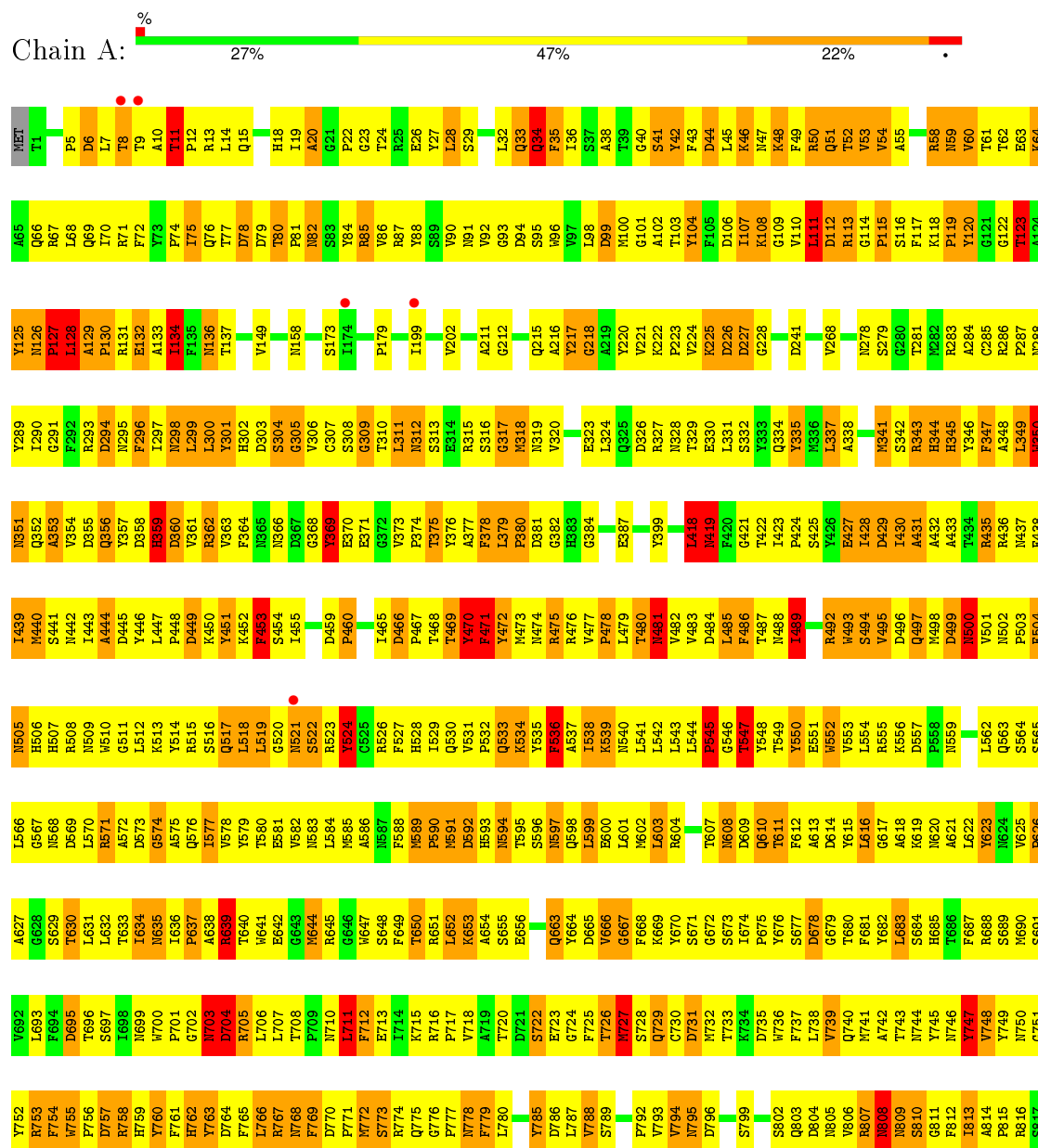
- Molecule 1 is a protein called Hexon protein.

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
			Total	C	N	O	S			
1	A	941	7523	4764	1281	1444	34	1667	0	0

3 Residue-property plots

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

• Molecule 1: Hexon protein



H818	T885	H886	H887	S888	H889	S890	W891	W892	L893	W894	F895	E896	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941
H819	H886	H887	S888	H889	S890	W891	W892	L893	W894	F895	E896	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941	
H820	H887	S888	H889	S890	W891	W892	L893	W894	F895	E896	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941		
H821	H888	H889	S890	W891	W892	L893	W894	F895	E896	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941			
H822	H889	S890	W891	W892	L893	W894	F895	E896	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941				
H823	H890	W891	W892	L893	W894	F895	E896	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941					
H824	W891	W892	L893	W894	F895	E896	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941						
H825	W892	L893	W894	F895	E896	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941							
H826	L893	W894	F895	E896	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941								
H827	W894	F895	E896	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941									
H828	E896	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941											
H829	L897	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941												
H830	D898	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941													
H831	F899	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941														
H832	W900	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941															
H833	W904	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																
H834	W905	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																	
H835	W906	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																		
H836	W907	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																			
H837	W908	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																				
H838	L909	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																					
H839	W910	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																						
H840	G911	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																							
H841	W912	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																								
H842	F913	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																									
H843	D914	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																										
H844	W915	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																											
H845	W916	R917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																												
H846	W917	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																													
H847	W918	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																														
H848	W919	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																															
H849	Q920	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																
H850	P921	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																	
H851	E922	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																		
H852	R923	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																			
H853	W924	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																				
H854	W925	L926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																					
H855	W926	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H856	W927	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H857	W928	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H858	W929	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H859	W930	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H860	W931	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H861	W932	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H862	W933	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H863	W934	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H864	W935	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H865	W936	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H866	W937	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H867	W938	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H868	W939	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H869	W940	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H870	W941	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H871	W942	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H872	W943	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H873	W944	A927	W928	A929	W930	F931	R932	T933	P934	F935	A936	W941																																						
H874	W945	A927	W928	A929																																														

4 Data and refinement statistics

Property	Value	Source
Space group	P 3 2 1	Depositor
Cell constants a, b, c, α , β , γ	157.77Å 157.77Å 114.20Å 90.00° 90.00° 120.00°	Depositor
Resolution (Å)	47.06 – 3.90 47.05 – 3.90	Depositor EDS
% Data completeness (in resolution range)	92.3 (47.06-3.90) 92.3 (47.05-3.90)	Depositor EDS
R_{merge}	(Not available)	Depositor
R_{sym}	0.20	Depositor
$\langle I/\sigma(I) \rangle$ ¹	3.86 (at 3.88Å)	Xtriage
Refinement program	CNS 1.1	Depositor
R, R_{free}	0.372 , 0.416 0.350 , 0.442	Depositor DCC
R_{free} test set	710 reflections (5.03%)	DCC
Wilson B-factor (Å ²)	64.5	Xtriage
Anisotropy	0.113	Xtriage
Bulk solvent k_{sol} (e/Å ³), B_{sol} (Å ²)	0.23 , 48.0	EDS
Estimated twinning fraction	0.046 for -h,-k,l	Xtriage
L-test for twinning ²	$\langle L \rangle = 0.45$, $\langle L^2 \rangle = 0.28$	Xtriage
Outliers	0 of 14636 reflections	Xtriage
F_o, F_c correlation	0.67	EDS
Total number of atoms	7523	wwPDB-VP
Average B, all atoms (Å ²)	30.0	wwPDB-VP

Xtriage's analysis on translational NCS is as follows: *The largest off-origin peak in the Patterson function is 3.19% of the height of the origin peak. No significant pseudotranslation is detected.*

¹Intensities estimated from amplitudes.

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

5 Model quality

5.1 Standard geometry

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	$\# Z > 5$	RMSZ	$\# Z > 5$
1	A	0.85	7/7728 (0.1%)	0.82	5/10545 (0.0%)

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

Mol	Chain	#Chirality outliers	#Planarity outliers
1	A	0	2

All (7) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	847	GLN	CB-CG	34.13	2.44	1.52
1	A	524	TYR	CD2-CE2	27.73	1.80	1.39
1	A	524	TYR	CD1-CE1	23.54	1.74	1.39
1	A	524	TYR	CE2-CZ	18.88	1.63	1.38
1	A	524	TYR	CE1-CZ	17.19	1.60	1.38
1	A	524	TYR	CG-CD2	14.22	1.57	1.39
1	A	524	TYR	CG-CD1	13.58	1.56	1.39

All (5) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	847	GLN	CA-CB-CG	9.87	135.12	113.40
1	A	847	GLN	CB-CG-CD	5.74	126.52	111.60
1	A	500	ASN	N-CA-C	5.67	126.32	111.00
1	A	876	THR	N-CA-C	5.52	125.90	111.00
1	A	94	ASP	N-CA-C	-5.34	96.59	111.00

There are no chirality outliers.

All (2) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	A	301	TYR	Sidechain
1	A	747	TYR	Sidechain

5.2 Too-close contacts ⓘ

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

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	A	7523	0	7147	1492	12
All	All	7523	0	7147	1492	12

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 131.

All (1492) close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:524:TYR:CE2	1:A:524:TYR:CD2	1.80	1.65
1:A:524:TYR:CD1	1:A:524:TYR:CE1	1.74	1.64
1:A:376:TYR:HE2	1:A:427:GLU:HG2	1.08	1.18
1:A:433:ALA:HA	1:A:436:ARG:NH1	1.58	1.17
1:A:433:ALA:CA	1:A:436:ARG:HH12	1.57	1.16
1:A:811:GLY:HA2	1:A:826:GLY:HA3	1.27	1.16
1:A:882:PRO:HA	1:A:885:THR:CB	1.76	1.13
1:A:363:VAL:HA	1:A:494:SER:HB3	1.16	1.11
1:A:134:ILE:HD13	1:A:134:ILE:H	0.98	1.11
1:A:296:PHE:HB3	1:A:299:LEU:HD22	1.24	1.11
1:A:22:PRO:HB2	1:A:26:GLU:HB2	1.30	1.11
1:A:376:TYR:CE2	1:A:427:GLU:HG2	1.84	1.11
1:A:604:ARG:HH11	1:A:922:GLU:HA	1.02	1.10
1:A:9:THR:HA	1:A:13:ARG:HG3	1.33	1.10
1:A:793:VAL:HA	1:A:796:ASP:OD1	1.54	1.08
1:A:465:ILE:HG21	1:A:471:PHE:HB2	1.28	1.07
1:A:726:THR:O	1:A:727:MET:HB3	1.53	1.07
1:A:28:LEU:HD22	1:A:32:LEU:HD23	1.36	1.06
1:A:82:ASN:ND2	1:A:663:GLN:HE21	1.54	1.06
1:A:310:THR:HG23	1:A:319:ASN:ND2	1.72	1.04
1:A:882:PRO:HA	1:A:885:THR:HB	1.05	1.04

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:536:PHE:CD2	1:A:614:ASP:HB2	1.94	1.03
1:A:640:THR:HB	1:A:642:GLU:OE1	1.57	1.02
1:A:654:ALA:HA	1:A:905:TYR:CE2	1.95	1.01
1:A:774:ARG:HD2	1:A:775:GLN:N	1.74	1.01
1:A:874:GLU:HG2	1:A:913:PHE:CE1	1.95	1.01
1:A:436:ARG:HB3	1:A:436:ARG:NH1	1.75	1.01
1:A:745:TYR:HE2	1:A:766:LEU:HD23	1.26	1.00
1:A:108:LYS:HA	1:A:528:HIS:HA	1.41	1.00
1:A:433:ALA:HA	1:A:436:ARG:HH12	0.83	0.99
1:A:785:TYR:CD2	1:A:788:VAL:HB	1.97	0.99
1:A:343:ARG:HH12	1:A:354:VAL:N	1.61	0.99
1:A:355:ASP:HB3	1:A:509:ASN:HD21	1.28	0.99
1:A:752:TYR:H	1:A:753:ARG:HH11	1.10	0.99
1:A:768:ASN:ND2	1:A:858:ASN:HD22	1.58	0.99
1:A:544:LEU:HD21	1:A:603:LEU:HB3	1.41	0.99
1:A:64:LYS:H	1:A:64:LYS:HD3	1.22	0.99
1:A:85:ARG:HA	1:A:553:VAL:HG22	1.43	0.98
1:A:512:LEU:HD22	1:A:563:GLN:HE21	1.29	0.98
1:A:604:ARG:NH1	1:A:922:GLU:HA	1.79	0.97
1:A:920:GLN:HG2	1:A:926:LEU:HD21	1.46	0.97
1:A:28:LEU:HB3	1:A:33:GLN:HE22	1.30	0.96
1:A:379:LEU:HB2	1:A:424:PRO:HG2	1.47	0.95
1:A:332:SER:HA	1:A:616:LEU:HD23	1.48	0.95
1:A:745:TYR:CE2	1:A:766:LEU:HD23	2.01	0.95
1:A:130:PRO:O	1:A:217:TYR:HB2	1.67	0.94
1:A:136:ASN:HD22	1:A:136:ASN:H	1.10	0.94
1:A:343:ARG:HH12	1:A:354:VAL:H	1.10	0.94
1:A:535:TYR:CZ	1:A:537:ALA:HB3	2.02	0.94
1:A:882:PRO:CA	1:A:885:THR:HB	1.96	0.94
1:A:84:TYR:HD2	1:A:554:LEU:HD22	1.33	0.94
1:A:808:ASN:CG	1:A:809:ASN:H	1.71	0.94
1:A:635:ASN:HA	1:A:892:VAL:HG13	1.49	0.94
1:A:106:ASP:OD1	1:A:530:GLN:HG3	1.68	0.94
1:A:874:GLU:HG2	1:A:913:PHE:HE1	1.26	0.93
1:A:768:ASN:HD21	1:A:858:ASN:ND2	1.67	0.93
1:A:779:PHE:HZ	1:A:843:ILE:H	1.14	0.93
1:A:134:ILE:N	1:A:134:ILE:HD13	1.84	0.93
1:A:24:THR:HA	1:A:27:TYR:CE2	2.03	0.92
1:A:594:ASN:H	1:A:594:ASN:HD22	1.04	0.92
1:A:310:THR:HB	1:A:551:GLU:HG3	1.50	0.92
1:A:28:LEU:HB3	1:A:33:GLN:NE2	1.84	0.92

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:134:ILE:CD1	1:A:134:ILE:H	1.76	0.92
1:A:419:ASN:HD21	1:A:421:GLY:C	1.73	0.92
1:A:114:GLY:O	1:A:523:ARG:HD2	1.70	0.91
1:A:541:LEU:HD12	1:A:542:LEU:H	1.32	0.91
1:A:517:GLN:C	1:A:519:LEU:H	1.74	0.90
1:A:113:ARG:HB2	1:A:523:ARG:HA	1.53	0.90
1:A:376:TYR:HB3	1:A:425:SER:HB3	1.50	0.90
1:A:916:VAL:HG22	1:A:917:ARG:H	1.35	0.90
1:A:64:LYS:N	1:A:64:LYS:HD3	1.85	0.90
1:A:752:TYR:H	1:A:753:ARG:NH1	1.69	0.90
1:A:738:LEU:HD11	1:A:752:TYR:OH	1.73	0.89
1:A:113:ARG:HG2	1:A:290:ILE:HB	1.55	0.89
1:A:444:ALA:O	1:A:447:LEU:HD12	1.73	0.89
1:A:297:ILE:HD13	1:A:677:SER:O	1.71	0.89
1:A:337:LEU:HD12	1:A:343:ARG:HD2	1.53	0.89
1:A:465:ILE:HG23	1:A:469:THR:OG1	1.71	0.89
1:A:297:ILE:HD11	1:A:334:GLN:HG3	1.53	0.89
1:A:356:GLN:O	1:A:509:ASN:HA	1.72	0.88
1:A:639:ARG:HG3	1:A:640:THR:N	1.85	0.88
1:A:758:ARG:HH21	1:A:761:PHE:HE1	1.20	0.88
1:A:11:THR:O	1:A:15:GLN:HG3	1.73	0.88
1:A:675:PRO:HG3	1:A:680:THR:OG1	1.74	0.88
1:A:127:PRO:HG2	1:A:128:LEU:HD23	1.56	0.88
1:A:72:PHE:O	1:A:583:ASN:HB3	1.74	0.87
1:A:675:PRO:HA	1:A:678:ASP:OD1	1.75	0.87
1:A:647:TRP:O	1:A:862:THR:HA	1.75	0.86
1:A:640:THR:HB	1:A:642:GLU:CD	1.94	0.86
1:A:297:ILE:HA	1:A:330:GLU:OE1	1.76	0.86
1:A:577:ILE:HD13	1:A:578:VAL:N	1.91	0.86
1:A:594:ASN:ND2	1:A:594:ASN:H	1.74	0.86
1:A:703:ASN:HD22	1:A:703:ASN:H	1.22	0.85
1:A:20:ALA:N	1:A:52:THR:HG21	1.90	0.85
1:A:12:PRO:HA	1:A:15:GLN:OE1	1.76	0.85
1:A:465:ILE:HG12	1:A:471:PHE:CG	2.12	0.85
1:A:580:THR:HG22	1:A:581:GLU:HG2	1.56	0.85
1:A:11:THR:HB	1:A:12:PRO:HD3	1.56	0.85
1:A:120:TYR:O	1:A:287:PRO:HB3	1.75	0.85
1:A:855:LEU:HD23	1:A:856:CYS:H	1.40	0.85
1:A:299:LEU:HB3	1:A:300:LEU:HD12	1.57	0.85
1:A:47:ASN:O	1:A:49:PHE:N	2.10	0.85
1:A:50:ARG:HH11	1:A:50:ARG:HG2	1.40	0.84

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:112:ASP:HB2	1:A:524:TYR:HD1	1.42	0.84
1:A:296:PHE:CB	1:A:299:LEU:HD22	2.06	0.84
1:A:508:ARG:HG2	1:A:510:TRP:NE1	1.91	0.84
1:A:493:TRP:HZ3	1:A:773:SER:N	1.75	0.84
1:A:363:VAL:HA	1:A:494:SER:CB	2.03	0.84
1:A:722:SER:O	1:A:726:THR:HG23	1.76	0.84
1:A:436:ARG:HB3	1:A:436:ARG:HH11	1.39	0.84
1:A:618:ALA:HB1	1:A:910:TYR:O	1.78	0.83
1:A:648:SER:HA	1:A:862:THR:HG22	1.60	0.83
1:A:536:PHE:CE1	1:A:537:ALA:HB2	2.14	0.83
1:A:774:ARG:HD2	1:A:775:GLN:H	1.40	0.83
1:A:541:LEU:HD12	1:A:542:LEU:N	1.91	0.83
1:A:84:TYR:CD2	1:A:554:LEU:HD22	2.13	0.83
1:A:866:SER:HA	1:A:878:LEU:HD23	1.59	0.83
1:A:64:LYS:H	1:A:64:LYS:CD	1.90	0.83
1:A:610:GLN:HB2	1:A:918:VAL:CG1	2.06	0.83
1:A:489:ILE:HD13	1:A:489:ILE:H	1.44	0.82
1:A:109:GLY:HA2	1:A:526:ARG:HH12	1.44	0.82
1:A:22:PRO:HB2	1:A:26:GLU:CB	2.08	0.82
1:A:343:ARG:NH1	1:A:354:VAL:H	1.78	0.82
1:A:634:ILE:HG13	1:A:893:ILE:O	1.80	0.82
1:A:486:PHE:CE1	1:A:489:ILE:HG13	2.14	0.82
1:A:635:ASN:CA	1:A:892:VAL:HG13	2.10	0.82
1:A:780:LEU:O	1:A:788:VAL:HG21	1.79	0.82
1:A:881:ASN:HD22	1:A:883:MET:H	1.27	0.82
1:A:482:VAL:HG13	1:A:483:VAL:HG22	1.62	0.81
1:A:865:PHE:CD2	1:A:878:LEU:HB3	2.15	0.81
1:A:779:PHE:O	1:A:780:LEU:HB3	1.79	0.81
1:A:808:ASN:CG	1:A:809:ASN:N	2.33	0.81
1:A:320:VAL:HB	1:A:928:MET:CG	2.10	0.81
1:A:358:ASP:HA	1:A:510:TRP:CH2	2.15	0.81
1:A:881:ASN:ND2	1:A:883:MET:H	1.77	0.81
1:A:82:ASN:HD21	1:A:663:GLN:HB2	1.44	0.81
1:A:757:ASP:CG	1:A:767:ARG:NH2	2.33	0.81
1:A:767:ARG:HH11	1:A:767:ARG:HG2	1.45	0.81
1:A:303:ASP:H	1:A:323:GLU:CD	1.83	0.81
1:A:481:ASN:ND2	1:A:793:VAL:HB	1.96	0.81
1:A:118:LYS:HB3	1:A:287:PRO:HA	1.63	0.81
1:A:24:THR:HG22	1:A:27:TYR:OH	1.80	0.81
1:A:768:ASN:HD21	1:A:858:ASN:HD22	0.83	0.81
1:A:836:PRO:O	1:A:837:LEU:HD23	1.80	0.81

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:113:ARG:NH1	1:A:520:GLY:O	2.14	0.80
1:A:915:THR:HG22	1:A:916:VAL:H	1.45	0.80
1:A:707:LEU:HD13	1:A:725:PHE:CE1	2.16	0.80
1:A:428:ILE:HG23	1:A:428:ILE:O	1.82	0.80
1:A:344:HIS:CG	1:A:344:HIS:O	2.34	0.80
1:A:355:ASP:HB3	1:A:509:ASN:ND2	1.97	0.80
1:A:690:MET:O	1:A:690:MET:HG2	1.82	0.80
1:A:512:LEU:HD22	1:A:563:GLN:NE2	1.95	0.80
1:A:875:LEU:HD22	1:A:913:PHE:CE2	2.17	0.80
1:A:29:SER:HB3	1:A:32:LEU:HB2	1.64	0.80
1:A:636:ILE:HG21	1:A:641:TRP:HH2	1.45	0.79
1:A:28:LEU:HD22	1:A:32:LEU:CD2	2.12	0.79
1:A:82:ASN:HD21	1:A:663:GLN:HE21	1.26	0.79
1:A:813:ILE:HG23	1:A:814:ALA:N	1.94	0.79
1:A:104:TYR:HD1	1:A:530:GLN:HB3	1.47	0.79
1:A:678:ASP:OD1	1:A:680:THR:HG23	1.82	0.79
1:A:765:PHE:O	1:A:769:PHE:HB2	1.81	0.79
1:A:745:TYR:HB3	1:A:755:TRP:CD1	2.18	0.79
1:A:320:VAL:HG11	1:A:927:ALA:HA	1.64	0.79
1:A:711:LEU:O	1:A:711:LEU:HD12	1.82	0.79
1:A:436:ARG:NH2	1:A:437:ASN:ND2	2.31	0.79
1:A:701:PRO:HB2	1:A:705:ARG:HD3	1.63	0.79
1:A:470:TYR:HE1	1:A:474:ASN:ND2	1.81	0.78
1:A:77:THR:O	1:A:78:ASP:HB2	1.80	0.78
1:A:443:ILE:HG23	1:A:498:MET:HE2	1.63	0.78
1:A:13:ARG:CZ	1:A:13:ARG:HA	2.12	0.78
1:A:488:ASN:HD21	1:A:777:PRO:HB3	1.48	0.78
1:A:600:GLU:HG3	1:A:604:ARG:HG3	1.64	0.78
1:A:596:SER:O	1:A:598:GLN:N	2.16	0.78
1:A:868:ASP:O	1:A:869:PHE:HB2	1.82	0.78
1:A:631:LEU:HA	1:A:896:GLU:HA	1.65	0.78
1:A:493:TRP:CE2	1:A:774:ARG:HB3	2.19	0.78
1:A:639:ARG:HG3	1:A:640:THR:H	1.48	0.78
1:A:743:THR:CG2	1:A:864:PRO:HB3	2.13	0.78
1:A:754:PHE:O	1:A:755:TRP:C	2.22	0.77
1:A:93:GLY:CA	1:A:96:TRP:HB2	2.14	0.77
1:A:118:LYS:HE3	1:A:287:PRO:N	2.00	0.77
1:A:35:PHE:HA	1:A:38:ALA:HB3	1.64	0.77
1:A:76:GLN:HB3	1:A:87:ARG:HB2	1.65	0.77
1:A:757:ASP:HA	1:A:760:TYR:HB2	1.67	0.77
1:A:687:PHE:O	1:A:715:LYS:HE2	1.85	0.77

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:489:ILE:N	1:A:489:ILE:HD13	1.99	0.77
1:A:481:ASN:CG	1:A:793:VAL:HB	2.06	0.77
1:A:301:TYR:HA	1:A:555:ARG:NH2	2.00	0.77
1:A:308:SER:OG	1:A:323:GLU:HG2	1.85	0.76
1:A:742:ALA:HB1	1:A:869:PHE:HB3	1.68	0.76
1:A:559:ASN:OD1	1:A:569:ASP:HA	1.86	0.76
1:A:743:THR:HG23	1:A:864:PRO:HB3	1.65	0.76
1:A:293:ARG:HH22	1:A:563:GLN:HG3	1.49	0.76
1:A:836:PRO:C	1:A:837:LEU:HD23	2.06	0.76
1:A:98:LEU:C	1:A:542:LEU:HD12	2.06	0.76
1:A:72:PHE:HD2	1:A:584:LEU:HD23	1.51	0.75
1:A:355:ASP:CB	1:A:509:ASN:HD21	1.99	0.75
1:A:779:PHE:HB3	1:A:785:TYR:CE2	2.21	0.75
1:A:222:LYS:HG2	1:A:223:PRO:HD2	1.68	0.75
1:A:286:ARG:HB2	1:A:474:ASN:OD1	1.86	0.75
1:A:912:VAL:HB	1:A:933:THR:O	1.87	0.75
1:A:453:PHE:O	1:A:477:VAL:HG12	1.87	0.75
1:A:648:SER:O	1:A:909:LEU:HB2	1.87	0.75
1:A:603:LEU:HD11	1:A:610:GLN:HE21	1.52	0.74
1:A:651:ARG:NH2	1:A:900:MET:HB2	2.01	0.74
1:A:48:LYS:O	1:A:49:PHE:CD1	2.39	0.74
1:A:111:LEU:HB2	1:A:577:ILE:HA	1.68	0.74
1:A:706:LEU:C	1:A:708:THR:H	1.89	0.74
1:A:770:ASP:O	1:A:855:LEU:N	2.19	0.74
1:A:730:CYS:HB2	1:A:854:PHE:HB3	1.69	0.74
1:A:435:ARG:HB3	1:A:485:LEU:HD21	1.69	0.74
1:A:466:ASP:OD2	1:A:468:THR:N	2.20	0.74
1:A:8:THR:O	1:A:9:THR:HG22	1.86	0.74
1:A:98:LEU:O	1:A:542:LEU:HD12	1.87	0.74
1:A:465:ILE:HG12	1:A:471:PHE:CD2	2.22	0.74
1:A:544:LEU:HD11	1:A:603:LEU:HG	1.69	0.73
1:A:76:GLN:HG2	1:A:87:ARG:HD3	1.68	0.73
1:A:866:SER:HA	1:A:878:LEU:CD2	2.18	0.73
1:A:107:ILE:HG22	1:A:108:LYS:H	1.53	0.73
1:A:493:TRP:CZ3	1:A:773:SER:N	2.55	0.73
1:A:760:TYR:CE2	1:A:766:LEU:HB2	2.23	0.73
1:A:570:LEU:HB3	1:A:575:ALA:HB2	1.69	0.73
1:A:599:LEU:O	1:A:603:LEU:N	2.17	0.73
1:A:109:GLY:HA2	1:A:526:ARG:NH1	2.03	0.73
1:A:604:ARG:HD2	1:A:921:PRO:O	1.89	0.73
1:A:129:ALA:O	1:A:217:TYR:HD1	1.71	0.73

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:216:ALA:C	1:A:218:GLY:H	1.91	0.73
1:A:29:SER:HB3	1:A:32:LEU:CB	2.18	0.73
1:A:747:TYR:HE2	1:A:755:TRP:HA	1.54	0.73
1:A:297:ILE:O	1:A:298:ASN:HB2	1.88	0.72
1:A:505:ASN:HD21	1:A:673:SER:H	1.34	0.72
1:A:912:VAL:HG12	1:A:934:PRO:HD2	1.71	0.72
1:A:779:PHE:HZ	1:A:843:ILE:N	1.87	0.72
1:A:84:TYR:HB3	1:A:554:LEU:HB2	1.72	0.72
1:A:691:SER:O	1:A:893:ILE:HA	1.88	0.72
1:A:648:SER:HA	1:A:861:TRP:O	1.89	0.72
1:A:99:ASP:HA	1:A:542:LEU:HA	1.72	0.72
1:A:705:ARG:HH11	1:A:705:ARG:HG2	1.54	0.72
1:A:358:ASP:HB2	1:A:508:ARG:HD2	1.72	0.72
1:A:379:LEU:HB2	1:A:424:PRO:CG	2.17	0.72
1:A:436:ARG:O	1:A:440:MET:HB2	1.90	0.72
1:A:541:LEU:HD21	1:A:543:LEU:HD21	1.70	0.72
1:A:523:ARG:O	1:A:524:TYR:HB2	1.87	0.72
1:A:133:ALA:HA	1:A:216:ALA:N	2.05	0.72
1:A:36:ILE:HG23	1:A:46:LYS:HZ2	1.54	0.72
1:A:688:ARG:NH2	1:A:715:LYS:O	2.23	0.72
1:A:536:PHE:HD2	1:A:614:ASP:HB2	1.51	0.71
1:A:67:ARG:NH2	1:A:70:ILE:HA	2.05	0.71
1:A:9:THR:CA	1:A:13:ARG:HG3	2.17	0.71
1:A:604:ARG:HH11	1:A:922:GLU:CA	1.92	0.71
1:A:320:VAL:HB	1:A:928:MET:HB2	1.72	0.71
1:A:66:GLN:NE2	1:A:590:PRO:HA	2.05	0.71
1:A:429:ASP:OD1	1:A:431:ALA:HB3	1.90	0.71
1:A:731:ASP:OD2	1:A:853:LYS:HA	1.90	0.71
1:A:338:ALA:HB2	1:A:343:ARG:HG2	1.73	0.71
1:A:564:SER:OG	1:A:567:GLY:HA2	1.89	0.71
1:A:716:ARG:HD2	1:A:716:ARG:O	1.90	0.71
1:A:376:TYR:CE2	1:A:427:GLU:CG	2.69	0.71
1:A:554:LEU:HD12	1:A:554:LEU:N	2.06	0.71
1:A:68:LEU:O	1:A:588:PHE:N	2.24	0.71
1:A:688:ARG:HB2	1:A:896:GLU:O	1.90	0.71
1:A:470:TYR:HE1	1:A:474:ASN:HD22	1.39	0.71
1:A:132:GLU:O	1:A:215:GLN:HB3	1.89	0.71
1:A:315:ARG:HB3	1:A:925:VAL:HG23	1.72	0.71
1:A:811:GLY:CA	1:A:826:GLY:HA3	2.15	0.71
1:A:371:GLU:OE2	1:A:429:ASP:HA	1.91	0.71
1:A:118:LYS:HE3	1:A:286:ARG:C	2.10	0.71

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:341:MET:HE1	1:A:345:HIS:HB2	1.72	0.70
1:A:107:ILE:HB	1:A:529:ILE:HG13	1.72	0.70
1:A:492:ARG:O	1:A:493:TRP:HE3	1.74	0.70
1:A:376:TYR:CB	1:A:425:SER:HB3	2.20	0.70
1:A:466:ASP:CG	1:A:468:THR:H	1.95	0.70
1:A:517:GLN:C	1:A:519:LEU:N	2.45	0.70
1:A:82:ASN:CA	1:A:556:LYS:HD3	2.19	0.70
1:A:82:ASN:ND2	1:A:663:GLN:NE2	2.36	0.70
1:A:477:VAL:HG22	1:A:478:PRO:HD2	1.73	0.70
1:A:737:PHE:HE2	1:A:741:MET:HG2	1.57	0.70
1:A:95:SER:HB3	1:A:593:HIS:ND1	2.06	0.70
1:A:755:TRP:HB3	1:A:760:TYR:OH	1.92	0.70
1:A:864:PRO:O	1:A:866:SER:N	2.25	0.70
1:A:294:ASP:OD1	1:A:352:GLN:HA	1.90	0.70
1:A:310:THR:HB	1:A:551:GLU:CG	2.22	0.70
1:A:739:VAL:HG22	1:A:869:PHE:HE2	1.56	0.69
1:A:470:TYR:O	1:A:473:MET:HB3	1.92	0.69
1:A:640:THR:HB	1:A:642:GLU:OE2	1.92	0.69
1:A:503:PRO:HG2	1:A:504:PHE:H	1.56	0.69
1:A:917:ARG:HG2	1:A:918:VAL:N	2.07	0.69
1:A:216:ALA:O	1:A:218:GLY:N	2.25	0.69
1:A:599:LEU:O	1:A:599:LEU:HD23	1.93	0.69
1:A:758:ARG:CZ	1:A:758:ARG:HA	2.22	0.69
1:A:493:TRP:HZ3	1:A:773:SER:H	1.39	0.69
1:A:33:GLN:CA	1:A:33:GLN:HE21	2.05	0.69
1:A:684:SER:O	1:A:687:PHE:HD1	1.76	0.69
1:A:775:GLN:O	1:A:777:PRO:HD3	1.92	0.69
1:A:93:GLY:O	1:A:96:TRP:HB2	1.92	0.69
1:A:703:ASN:O	1:A:705:ARG:HG2	1.93	0.69
1:A:112:ASP:HA	1:A:524:TYR:HA	1.74	0.69
1:A:369:TYR:C	1:A:369:TYR:CD1	2.64	0.69
1:A:713:GLU:HB2	1:A:733:THR:HG21	1.73	0.69
1:A:99:ASP:HB2	1:A:542:LEU:HD13	1.73	0.69
1:A:897:LEU:N	1:A:897:LEU:HD13	2.07	0.69
1:A:118:LYS:HE3	1:A:287:PRO:CA	2.23	0.69
1:A:288:ASN:HD21	1:A:566:LEU:HB2	1.58	0.69
1:A:622:LEU:HD23	1:A:907:TYR:HA	1.75	0.69
1:A:922:GLU:O	1:A:923:ARG:O	2.10	0.68
1:A:53:VAL:O	1:A:54:VAL:HB	1.91	0.68
1:A:133:ALA:HA	1:A:216:ALA:H	1.57	0.68
1:A:342:SER:OG	1:A:344:HIS:HB3	1.93	0.68

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:636:ILE:N	1:A:891:MET:O	2.27	0.68
1:A:484:ASP:OD1	1:A:485:LEU:N	2.26	0.68
1:A:822:THR:OG1	1:A:823:ALA:N	2.27	0.68
1:A:111:LEU:HB2	1:A:576:GLN:O	1.94	0.68
1:A:820:VAL:HG22	1:A:822:THR:HG23	1.75	0.68
1:A:435:ARG:O	1:A:438:PHE:HB3	1.92	0.68
1:A:670:TYR:CZ	1:A:672:GLY:HA3	2.29	0.68
1:A:875:LEU:HD22	1:A:913:PHE:HE2	1.59	0.68
1:A:610:GLN:HB2	1:A:918:VAL:HG11	1.76	0.68
1:A:465:ILE:HG23	1:A:469:THR:HG1	1.57	0.68
1:A:443:ILE:HG21	1:A:495:VAL:HG21	1.75	0.68
1:A:635:ASN:HA	1:A:892:VAL:HG22	1.75	0.68
1:A:222:LYS:NZ	1:A:223:PRO:HG2	2.08	0.68
1:A:934:PRO:O	1:A:935:PHE:HB2	1.93	0.68
1:A:28:LEU:CB	1:A:33:GLN:HE22	2.04	0.68
1:A:760:TYR:HE2	1:A:766:LEU:HB2	1.56	0.67
1:A:535:TYR:HD2	1:A:538:ILE:HG12	1.57	0.67
1:A:652:LEU:N	1:A:652:LEU:HD23	2.09	0.67
1:A:112:ASP:HB2	1:A:524:TYR:CD1	2.28	0.67
1:A:293:ARG:HH21	1:A:293:ARG:HG2	1.59	0.67
1:A:931:PHE:CZ	1:A:933:THR:HB	2.29	0.67
1:A:320:VAL:HB	1:A:928:MET:CB	2.23	0.67
1:A:747:TYR:CE2	1:A:755:TRP:HE3	2.13	0.67
1:A:754:PHE:O	1:A:755:TRP:O	2.12	0.67
1:A:222:LYS:HD3	1:A:222:LYS:C	2.15	0.67
1:A:653:LYS:HB2	1:A:656:GLU:HB2	1.75	0.67
1:A:109:GLY:CA	1:A:526:ARG:NH1	2.57	0.67
1:A:702:GLY:O	1:A:704:ASP:N	2.28	0.67
1:A:921:PRO:HG2	1:A:922:GLU:H	1.59	0.67
1:A:429:ASP:O	1:A:430:ILE:C	2.34	0.67
1:A:369:TYR:CD2	1:A:432:ALA:HB2	2.29	0.67
1:A:749:TYR:OH	1:A:868:ASP:O	2.09	0.67
1:A:479:LEU:O	1:A:482:VAL:HG12	1.94	0.66
1:A:471:PHE:HD1	1:A:471:PHE:H	1.43	0.66
1:A:358:ASP:OD2	1:A:508:ARG:NH1	2.27	0.66
1:A:300:LEU:N	1:A:300:LEU:HD12	2.10	0.66
1:A:304:SER:O	1:A:307:CYS:N	2.29	0.66
1:A:436:ARG:O	1:A:440:MET:CB	2.43	0.66
1:A:546:GLY:C	1:A:924:ASN:OD1	2.32	0.66
1:A:576:GLN:NE2	1:A:576:GLN:HA	2.11	0.66
1:A:448:PRO:C	1:A:450:LYS:H	1.99	0.66

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:776:GLY:O	1:A:779:PHE:N	2.29	0.66
1:A:220:TYR:CD1	1:A:221:VAL:N	2.64	0.66
1:A:484:ASP:CG	1:A:485:LEU:N	2.46	0.66
1:A:793:VAL:C	1:A:795:ASN:H	1.99	0.66
1:A:419:ASN:HD21	1:A:422:THR:N	1.93	0.66
1:A:813:ILE:HG13	1:A:814:ALA:H	1.61	0.66
1:A:289:TYR:HB3	1:A:516:SER:CB	2.26	0.66
1:A:113:ARG:HB2	1:A:523:ARG:CA	2.26	0.66
1:A:618:ALA:HB2	1:A:911:GLY:HA2	1.78	0.66
1:A:548:TYR:HE1	1:A:924:ASN:HA	1.61	0.66
1:A:589:MET:O	1:A:591:MET:N	2.25	0.66
1:A:703:ASN:O	1:A:704:ASP:C	2.35	0.66
1:A:757:ASP:O	1:A:760:TYR:N	2.25	0.66
1:A:825:GLN:HG3	1:A:826:GLY:N	2.11	0.66
1:A:136:ASN:HD22	1:A:136:ASN:N	1.85	0.66
1:A:641:TRP:CD1	1:A:641:TRP:N	2.63	0.66
1:A:313:SER:O	1:A:317:GLY:HA2	1.95	0.65
1:A:300:LEU:HD12	1:A:300:LEU:H	1.60	0.65
1:A:66:GLN:HG2	1:A:67:ARG:H	1.61	0.65
1:A:598:GLN:OE1	1:A:601:LEU:HD23	1.96	0.65
1:A:678:ASP:CG	1:A:680:THR:HG23	2.17	0.65
1:A:924:ASN:O	1:A:925:VAL:HG23	1.97	0.65
1:A:897:LEU:HD13	1:A:897:LEU:H	1.62	0.65
1:A:338:ALA:N	1:A:343:ARG:HG2	2.11	0.65
1:A:47:ASN:OD1	1:A:48:LYS:HG3	1.97	0.65
1:A:419:ASN:CG	1:A:421:GLY:H	2.00	0.65
1:A:716:ARG:HG2	1:A:726:THR:HG22	1.77	0.65
1:A:703:ASN:ND2	1:A:703:ASN:H	1.93	0.65
1:A:631:LEU:HD23	1:A:631:LEU:H	1.60	0.65
1:A:312:ASN:O	1:A:549:THR:N	2.29	0.65
1:A:754:PHE:HD2	1:A:754:PHE:O	1.79	0.65
1:A:907:TYR:CE2	1:A:909:LEU:HD11	2.32	0.65
1:A:919:ASN:O	1:A:921:PRO:HD3	1.97	0.65
1:A:478:PRO:O	1:A:479:LEU:HD23	1.97	0.64
1:A:300:LEU:HB2	1:A:302:HIS:CE1	2.32	0.64
1:A:595:THR:O	1:A:598:GLN:HB3	1.97	0.64
1:A:739:VAL:C	1:A:741:MET:H	2.00	0.64
1:A:772:MET:HE1	1:A:855:LEU:HD12	1.79	0.64
1:A:363:VAL:O	1:A:363:VAL:HG23	1.97	0.64
1:A:447:LEU:HG	1:A:498:MET:HE1	1.78	0.64
1:A:453:PHE:HD2	1:A:454:SER:N	1.94	0.64

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:713:GLU:O	1:A:736:TRP:HB2	1.97	0.64
1:A:793:VAL:CA	1:A:796:ASP:OD1	2.40	0.64
1:A:362:ARG:NH2	1:A:857:ASP:OD1	2.30	0.64
1:A:92:VAL:HB	1:A:545:PRO:HA	1.78	0.64
1:A:808:ASN:OD1	1:A:809:ASN:N	2.29	0.64
1:A:344:HIS:ND1	1:A:344:HIS:O	2.30	0.64
1:A:303:ASP:HA	1:A:323:GLU:HB2	1.79	0.64
1:A:752:TYR:N	1:A:753:ARG:HE	1.95	0.64
1:A:918:VAL:O	1:A:918:VAL:HG13	1.97	0.64
1:A:315:ARG:CZ	1:A:924:ASN:HB3	2.28	0.64
1:A:757:ASP:OD1	1:A:760:TYR:HB2	1.96	0.64
1:A:24:THR:O	1:A:28:LEU:HB2	1.97	0.64
1:A:82:ASN:HD22	1:A:663:GLN:HE21	1.45	0.64
1:A:14:LEU:HA	1:A:19:ILE:HB	1.79	0.64
1:A:601:LEU:HG	1:A:602:MET:SD	2.37	0.64
1:A:875:LEU:HD23	1:A:875:LEU:H	1.62	0.64
1:A:538:ILE:O	1:A:541:LEU:N	2.23	0.64
1:A:768:ASN:ND2	1:A:858:ASN:ND2	2.33	0.64
1:A:104:TYR:CD1	1:A:530:GLN:HB3	2.31	0.64
1:A:376:TYR:O	1:A:378:PHE:HE2	1.81	0.63
1:A:841:ASP:O	1:A:842:ALA:CB	2.47	0.63
1:A:598:GLN:O	1:A:601:LEU:HB3	1.98	0.63
1:A:679:GLY:C	1:A:681:PHE:H	2.01	0.63
1:A:377:ALA:O	1:A:425:SER:HA	1.99	0.63
1:A:338:ALA:CA	1:A:343:ARG:HG2	2.28	0.63
1:A:432:ALA:O	1:A:435:ARG:N	2.32	0.63
1:A:433:ALA:C	1:A:436:ARG:HH12	1.99	0.63
1:A:635:ASN:HA	1:A:892:VAL:CG1	2.25	0.63
1:A:294:ASP:HA	1:A:351:ASN:O	1.99	0.63
1:A:451:TYR:CE2	1:A:497:GLN:NE2	2.66	0.63
1:A:569:ASP:HB2	1:A:571:ARG:HG3	1.81	0.63
1:A:875:LEU:HD22	1:A:913:PHE:CZ	2.33	0.63
1:A:5:PRO:C	1:A:7:LEU:H	2.00	0.63
1:A:289:TYR:CZ	1:A:513:LYS:HG3	2.34	0.63
1:A:80:THR:O	1:A:556:LYS:NZ	2.30	0.63
1:A:107:ILE:HB	1:A:529:ILE:CG1	2.28	0.63
1:A:337:LEU:HB3	1:A:343:ARG:HD2	1.79	0.63
1:A:288:ASN:OD1	1:A:566:LEU:HB2	1.99	0.63
1:A:747:TYR:O	1:A:748:VAL:HB	1.99	0.63
1:A:636:ILE:HG21	1:A:641:TRP:CH2	2.30	0.63
1:A:118:LYS:HE3	1:A:287:PRO:HA	1.80	0.63

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:631:LEU:HA	1:A:895:PHE:O	1.98	0.63
1:A:364:PHE:H	1:A:494:SER:HA	1.64	0.63
1:A:82:ASN:ND2	1:A:663:GLN:HB2	2.14	0.63
1:A:881:ASN:HD22	1:A:882:PRO:N	1.97	0.62
1:A:82:ASN:HD21	1:A:663:GLN:CB	2.12	0.62
1:A:14:LEU:HD22	1:A:19:ILE:HG21	1.81	0.62
1:A:487:THR:O	1:A:488:ASN:HB2	1.99	0.62
1:A:136:ASN:H	1:A:136:ASN:ND2	1.88	0.62
1:A:502:ASN:CG	1:A:505:ASN:HD22	2.03	0.62
1:A:446:TYR:OH	1:A:507:HIS:CD2	2.52	0.62
1:A:23:GLY:O	1:A:27:TYR:CD2	2.52	0.62
1:A:104:TYR:CD2	1:A:104:TYR:N	2.65	0.62
1:A:559:ASN:OD1	1:A:670:TYR:N	2.32	0.62
1:A:881:ASN:HD22	1:A:881:ASN:C	2.03	0.62
1:A:468:THR:HG22	1:A:468:THR:O	2.00	0.62
1:A:310:THR:CB	1:A:551:GLU:HG3	2.28	0.62
1:A:60:VAL:O	1:A:592:ASP:HB2	1.99	0.62
1:A:813:ILE:HG23	1:A:814:ALA:H	1.63	0.62
1:A:430:ILE:HD13	1:A:430:ILE:H	1.65	0.62
1:A:626:PRO:HD2	1:A:629:SER:HB2	1.81	0.62
1:A:131:ARG:HH12	1:A:822:THR:HA	1.64	0.62
1:A:837:LEU:HA	1:A:842:ALA:HB1	1.81	0.62
1:A:374:PRO:HB2	1:A:376:TYR:CE2	2.35	0.62
1:A:29:SER:O	1:A:32:LEU:HB3	2.00	0.62
1:A:13:ARG:HH11	1:A:13:ARG:HG2	1.65	0.62
1:A:528:HIS:O	1:A:529:ILE:HG23	1.99	0.62
1:A:299:LEU:HD23	1:A:531:VAL:HG11	1.80	0.62
1:A:618:ALA:CB	1:A:911:GLY:HA2	2.30	0.62
1:A:765:PHE:HD1	1:A:859:TYR:CE2	2.18	0.62
1:A:653:LYS:HA	1:A:904:THR:HG23	1.81	0.62
1:A:133:ALA:HB2	1:A:215:GLN:HA	1.80	0.62
1:A:665:ASP:O	1:A:667:GLY:N	2.32	0.62
1:A:856:CYS:SG	1:A:859:TYR:HD2	2.23	0.62
1:A:13:ARG:HA	1:A:13:ARG:NE	2.14	0.62
1:A:108:LYS:HG2	1:A:526:ARG:HH22	1.64	0.61
1:A:72:PHE:CE2	1:A:90:VAL:HG13	2.35	0.61
1:A:610:GLN:HB2	1:A:918:VAL:HG12	1.81	0.61
1:A:504:PHE:C	1:A:506:HIS:H	2.03	0.61
1:A:488:ASN:ND2	1:A:774:ARG:HH21	1.98	0.61
1:A:131:ARG:O	1:A:215:GLN:NE2	2.32	0.61
1:A:288:ASN:ND2	1:A:566:LEU:HB2	2.14	0.61

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:564:SER:OG	1:A:671:SER:HB2	2.00	0.61
1:A:762:HIS:C	1:A:764:ASP:H	2.03	0.61
1:A:785:TYR:O	1:A:788:VAL:HG12	2.00	0.61
1:A:71:ARG:HB2	1:A:585:MET:SD	2.40	0.61
1:A:328:ASN:HB2	1:A:620:ASN:HD21	1.64	0.61
1:A:570:LEU:HD12	1:A:671:SER:OG	2.00	0.61
1:A:642:GLU:H	1:A:642:GLU:CD	2.03	0.61
1:A:316:SER:O	1:A:318:MET:HG3	2.00	0.61
1:A:378:PHE:N	1:A:378:PHE:HD2	1.99	0.61
1:A:726:THR:O	1:A:727:MET:CB	2.39	0.61
1:A:747:TYR:CE2	1:A:755:TRP:CE3	2.88	0.61
1:A:757:ASP:CG	1:A:760:TYR:HB2	2.21	0.61
1:A:912:VAL:CG1	1:A:934:PRO:HD2	2.30	0.61
1:A:378:PHE:CD2	1:A:378:PHE:N	2.67	0.61
1:A:315:ARG:NE	1:A:924:ASN:HB3	2.16	0.61
1:A:543:LEU:HD13	1:A:548:TYR:CD2	2.36	0.61
1:A:599:LEU:CD2	1:A:603:LEU:HD23	2.30	0.61
1:A:876:THR:C	1:A:878:LEU:N	2.54	0.61
1:A:436:ARG:HH11	1:A:436:ARG:CB	2.11	0.61
1:A:578:VAL:HG13	1:A:578:VAL:O	2.00	0.61
1:A:626:PRO:HG2	1:A:629:SER:OG	2.00	0.61
1:A:29:SER:O	1:A:33:GLN:HG2	2.01	0.61
1:A:544:LEU:HB3	1:A:545:PRO:HD2	1.83	0.61
1:A:747:TYR:CE2	1:A:755:TRP:HA	2.33	0.61
1:A:301:TYR:CE2	1:A:663:GLN:HA	2.36	0.61
1:A:614:ASP:OD2	1:A:615:TYR:N	2.34	0.61
1:A:47:ASN:C	1:A:49:PHE:H	2.03	0.61
1:A:117:PHE:CZ	1:A:119:PRO:HB3	2.36	0.60
1:A:359:HIS:CG	1:A:360:ASP:N	2.69	0.60
1:A:648:SER:CA	1:A:862:THR:HG22	2.29	0.60
1:A:876:THR:O	1:A:879:GLY:N	2.34	0.60
1:A:906:VAL:O	1:A:907:TYR:O	2.18	0.60
1:A:22:PRO:HG2	1:A:27:TYR:HB3	1.84	0.60
1:A:320:VAL:CG1	1:A:927:ALA:HA	2.31	0.60
1:A:438:PHE:CD1	1:A:442:ASN:ND2	2.69	0.60
1:A:767:ARG:HG2	1:A:767:ARG:NH1	2.16	0.60
1:A:769:PHE:C	1:A:769:PHE:HD2	2.03	0.60
1:A:504:PHE:HZ	1:A:858:ASN:OD1	1.84	0.60
1:A:320:VAL:CG1	1:A:928:MET:H	2.15	0.60
1:A:19:ILE:C	1:A:52:THR:HG21	2.22	0.60
1:A:674:ILE:O	1:A:677:SER:N	2.34	0.60

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:758:ARG:NE	1:A:758:ARG:HA	2.16	0.60
1:A:419:ASN:OD1	1:A:421:GLY:N	2.35	0.60
1:A:288:ASN:HD21	1:A:566:LEU:CB	2.14	0.60
1:A:535:TYR:CE2	1:A:537:ALA:HB3	2.36	0.60
1:A:84:TYR:C	1:A:553:VAL:HG13	2.22	0.60
1:A:91:ASN:HA	1:A:547:THR:HA	1.84	0.60
1:A:706:LEU:HD12	1:A:712:PHE:HA	1.83	0.60
1:A:28:LEU:HD13	1:A:32:LEU:HG	1.82	0.60
1:A:362:ARG:O	1:A:494:SER:HB2	2.02	0.60
1:A:33:GLN:N	1:A:33:GLN:HE21	1.99	0.60
1:A:374:PRO:HB2	1:A:376:TYR:HE2	1.66	0.60
1:A:473:MET:CE	1:A:568:ASN:HB3	2.32	0.60
1:A:85:ARG:CA	1:A:553:VAL:HG22	2.25	0.60
1:A:603:LEU:HD11	1:A:610:GLN:NE2	2.16	0.60
1:A:569:ASP:OD2	1:A:669:LYS:HB3	2.02	0.60
1:A:838:ILE:CG1	1:A:839:GLY:H	2.15	0.59
1:A:559:ASN:ND2	1:A:571:ARG:HH11	1.99	0.59
1:A:739:VAL:HG13	1:A:869:PHE:CE2	2.35	0.59
1:A:93:GLY:C	1:A:96:TRP:HB2	2.22	0.59
1:A:536:PHE:CD2	1:A:614:ASP:CB	2.78	0.59
1:A:74:PRO:C	1:A:75:ILE:HD13	2.22	0.59
1:A:916:VAL:HG22	1:A:917:ARG:N	2.14	0.59
1:A:11:THR:HB	1:A:12:PRO:CD	2.25	0.59
1:A:127:PRO:HD2	1:A:128:LEU:H	1.67	0.59
1:A:538:ILE:O	1:A:540:ASN:N	2.35	0.59
1:A:224:VAL:O	1:A:224:VAL:HG12	2.01	0.59
1:A:625:VAL:HG22	1:A:632:LEU:HD23	1.84	0.59
1:A:752:TYR:N	1:A:753:ARG:HH11	1.92	0.59
1:A:648:SER:CB	1:A:862:THR:HG22	2.31	0.59
1:A:809:ASN:O	1:A:810:SER:O	2.20	0.59
1:A:533:GLN:C	1:A:534:LYS:HD2	2.22	0.59
1:A:356:GLN:OE1	1:A:510:TRP:HE3	1.85	0.59
1:A:725:PHE:O	1:A:733:THR:HA	2.02	0.59
1:A:728:SER:HB3	1:A:730:CYS:SG	2.43	0.59
1:A:53:VAL:O	1:A:54:VAL:CB	2.50	0.59
1:A:548:TYR:CE1	1:A:924:ASN:HA	2.37	0.59
1:A:706:LEU:C	1:A:708:THR:N	2.55	0.59
1:A:917:ARG:HG2	1:A:918:VAL:H	1.65	0.59
1:A:222:LYS:HD3	1:A:223:PRO:O	2.02	0.59
1:A:448:PRO:O	1:A:450:LYS:N	2.35	0.59
1:A:742:ALA:C	1:A:744:ASN:H	2.06	0.59

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:651:ARG:NH1	1:A:900:MET:SD	2.76	0.59
1:A:5:PRO:O	1:A:7:LEU:N	2.36	0.59
1:A:371:GLU:OE1	1:A:431:ALA:HB2	2.03	0.59
1:A:337:LEU:HB3	1:A:343:ARG:CD	2.33	0.59
1:A:93:GLY:HA3	1:A:96:TRP:CG	2.38	0.59
1:A:433:ALA:O	1:A:436:ARG:NH1	2.35	0.59
1:A:435:ARG:O	1:A:438:PHE:N	2.34	0.59
1:A:127:PRO:CD	1:A:128:LEU:H	2.14	0.59
1:A:508:ARG:HG2	1:A:510:TRP:HE1	1.67	0.58
1:A:738:LEU:CD1	1:A:752:TYR:OH	2.47	0.58
1:A:755:TRP:HB3	1:A:760:TYR:CE1	2.38	0.58
1:A:684:SER:O	1:A:687:PHE:CD1	2.56	0.58
1:A:72:PHE:CE2	1:A:90:VAL:HG22	2.38	0.58
1:A:752:TYR:H	1:A:753:ARG:CZ	2.16	0.58
1:A:102:ALA:O	1:A:103:THR:HG23	2.03	0.58
1:A:33:GLN:HA	1:A:33:GLN:HE21	1.67	0.58
1:A:296:PHE:CD2	1:A:531:VAL:HG22	2.38	0.58
1:A:99:ASP:CG	1:A:101:GLY:H	2.07	0.58
1:A:370:GLU:OE2	1:A:371:GLU:O	2.21	0.58
1:A:337:LEU:CD1	1:A:343:ARG:HD2	2.30	0.58
1:A:720:THR:CG2	1:A:723:GLU:HB2	2.33	0.58
1:A:730:CYS:HB2	1:A:854:PHE:CB	2.31	0.58
1:A:76:GLN:HB3	1:A:87:ARG:CB	2.34	0.58
1:A:472:TYR:CE1	1:A:476:ARG:HD2	2.38	0.58
1:A:503:PRO:O	1:A:506:HIS:N	2.36	0.58
1:A:695:ASP:OD1	1:A:889:HIS:HB3	2.03	0.58
1:A:24:THR:HG23	1:A:51:GLN:HG2	1.85	0.58
1:A:299:LEU:CD2	1:A:531:VAL:HG21	2.34	0.58
1:A:28:LEU:CD1	1:A:33:GLN:HE22	2.17	0.58
1:A:517:GLN:O	1:A:519:LEU:N	2.37	0.58
1:A:654:ALA:HA	1:A:905:TYR:CZ	2.39	0.58
1:A:705:ARG:HH11	1:A:705:ARG:CG	2.15	0.58
1:A:338:ALA:CB	1:A:343:ARG:HG2	2.33	0.57
1:A:470:TYR:O	1:A:471:PHE:C	2.43	0.57
1:A:769:PHE:CD2	1:A:769:PHE:C	2.75	0.57
1:A:368:GLY:O	1:A:369:TYR:HB3	2.03	0.57
1:A:438:PHE:CE1	1:A:442:ASN:ND2	2.71	0.57
1:A:543:LEU:HD13	1:A:548:TYR:HD2	1.69	0.57
1:A:315:ARG:NH2	1:A:924:ASN:HB3	2.19	0.57
1:A:43:PHE:O	1:A:43:PHE:CG	2.55	0.57
1:A:453:PHE:N	1:A:477:VAL:O	2.36	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:914:ASP:HA	1:A:932:ARG:HB2	1.85	0.57
1:A:423:ILE:O	1:A:423:ILE:HG13	2.03	0.57
1:A:630:THR:O	1:A:897:LEU:N	2.37	0.57
1:A:316:SER:O	1:A:318:MET:SD	2.62	0.57
1:A:107:ILE:CG1	1:A:529:ILE:HG13	2.34	0.57
1:A:596:SER:C	1:A:598:GLN:H	2.06	0.57
1:A:332:SER:CA	1:A:616:LEU:HD23	2.30	0.57
1:A:338:ALA:HB2	1:A:343:ARG:CG	2.35	0.57
1:A:645:ARG:HH21	1:A:911:GLY:HA3	1.68	0.57
1:A:756:PRO:O	1:A:758:ARG:N	2.37	0.57
1:A:793:VAL:O	1:A:795:ASN:N	2.37	0.57
1:A:770:ASP:HB3	1:A:855:LEU:HB3	1.85	0.57
1:A:482:VAL:HG13	1:A:483:VAL:HG13	1.87	0.57
1:A:596:SER:C	1:A:598:GLN:N	2.54	0.57
1:A:621:ALA:O	1:A:622:LEU:HD23	2.05	0.57
1:A:699:ASN:OD1	1:A:700:TRP:N	2.38	0.57
1:A:651:ARG:CZ	1:A:900:MET:HB2	2.34	0.57
1:A:706:LEU:CD1	1:A:712:PHE:HA	2.34	0.57
1:A:335:TYR:OH	1:A:763:TYR:HB3	2.04	0.57
1:A:315:ARG:NH2	1:A:924:ASN:CB	2.68	0.57
1:A:82:ASN:C	1:A:556:LYS:HD3	2.25	0.57
1:A:110:VAL:O	1:A:111:LEU:HB3	2.04	0.57
1:A:286:ARG:O	1:A:470:TYR:OH	2.21	0.57
1:A:441:SER:O	1:A:446:TYR:HE1	1.88	0.57
1:A:454:SER:HA	1:A:476:ARG:HA	1.86	0.57
1:A:670:TYR:OH	1:A:673:SER:N	2.38	0.57
1:A:119:PRO:HG3	1:A:521:ASN:O	2.05	0.57
1:A:109:GLY:HA2	1:A:580:THR:OG1	2.04	0.57
1:A:612:PHE:O	1:A:916:VAL:HG12	2.05	0.57
1:A:436:ARG:HB3	1:A:436:ARG:CZ	2.35	0.56
1:A:685:HIS:HB2	1:A:854:PHE:CZ	2.40	0.56
1:A:727:MET:HG3	1:A:728:SER:N	2.20	0.56
1:A:651:ARG:HH22	1:A:900:MET:HB2	1.68	0.56
1:A:813:ILE:CG2	1:A:814:ALA:N	2.64	0.56
1:A:125:TYR:O	1:A:126:ASN:C	2.44	0.56
1:A:471:PHE:HA	1:A:475:ARG:HD2	1.86	0.56
1:A:493:TRP:O	1:A:494:SER:C	2.43	0.56
1:A:506:HIS:CE1	1:A:507:HIS:ND1	2.73	0.56
1:A:90:VAL:O	1:A:547:THR:HA	2.04	0.56
1:A:297:ILE:HG12	1:A:330:GLU:OE1	2.04	0.56
1:A:66:GLN:HE21	1:A:590:PRO:HA	1.70	0.56

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:733:THR:C	1:A:735:ASP:H	2.08	0.56
1:A:47:ASN:CG	1:A:48:LYS:N	2.58	0.56
1:A:912:VAL:HB	1:A:933:THR:C	2.24	0.56
1:A:522:SER:O	1:A:524:TYR:N	2.38	0.56
1:A:471:PHE:O	1:A:475:ARG:HB2	2.06	0.56
1:A:675:PRO:C	1:A:677:SER:H	2.07	0.56
1:A:362:ARG:HH22	1:A:682:TYR:HB2	1.69	0.56
1:A:623:TYR:CE2	1:A:634:ILE:HG21	2.40	0.56
1:A:645:ARG:NH2	1:A:911:GLY:HA3	2.21	0.56
1:A:907:TYR:OH	1:A:909:LEU:HD21	2.05	0.56
1:A:301:TYR:HA	1:A:555:ARG:HH21	1.71	0.56
1:A:471:PHE:CD2	1:A:475:ARG:NH1	2.74	0.56
1:A:747:TYR:HD2	1:A:755:TRP:HB2	1.71	0.56
1:A:125:TYR:O	1:A:126:ASN:O	2.23	0.56
1:A:486:PHE:HA	1:A:489:ILE:HD12	1.88	0.56
1:A:712:PHE:HD1	1:A:712:PHE:N	2.02	0.56
1:A:754:PHE:O	1:A:754:PHE:CD2	2.57	0.56
1:A:789:SER:HG	1:A:835:TYR:HH	1.54	0.56
1:A:72:PHE:HE2	1:A:90:VAL:HG13	1.70	0.56
1:A:127:PRO:HA	1:A:217:TYR:OH	2.05	0.56
1:A:703:ASN:O	1:A:705:ARG:NH1	2.38	0.56
1:A:222:LYS:HZ2	1:A:223:PRO:HG2	1.71	0.56
1:A:357:TYR:N	1:A:357:TYR:CD2	2.70	0.56
1:A:874:GLU:HG2	1:A:913:PHE:CZ	2.41	0.56
1:A:536:PHE:HD2	1:A:614:ASP:CB	2.15	0.56
1:A:131:ARG:HB3	1:A:215:GLN:HE22	1.71	0.56
1:A:36:ILE:O	1:A:46:LYS:NZ	2.39	0.56
1:A:343:ARG:NH2	1:A:354:VAL:HB	2.21	0.55
1:A:448:PRO:C	1:A:450:LYS:N	2.59	0.55
1:A:482:VAL:CG1	1:A:483:VAL:HG22	2.36	0.55
1:A:599:LEU:HD21	1:A:603:LEU:HD23	1.88	0.55
1:A:502:ASN:H	1:A:653:LYS:NZ	2.04	0.55
1:A:757:ASP:OD2	1:A:767:ARG:NH2	2.38	0.55
1:A:841:ASP:O	1:A:842:ALA:HB3	2.06	0.55
1:A:693:LEU:O	1:A:891:MET:HA	2.06	0.55
1:A:122:GLY:O	1:A:123:THR:O	2.25	0.55
1:A:654:ALA:CA	1:A:905:TYR:CE2	2.82	0.55
1:A:913:PHE:HB3	1:A:915:THR:OG1	2.05	0.55
1:A:303:ASP:N	1:A:323:GLU:CD	2.58	0.55
1:A:447:LEU:HG	1:A:498:MET:CE	2.36	0.55
1:A:488:ASN:N	1:A:489:ILE:HD13	2.21	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:745:TYR:O	1:A:747:TYR:N	2.39	0.55
1:A:107:ILE:O	1:A:108:LYS:HB2	2.07	0.55
1:A:728:SER:C	1:A:729:GLN:HG3	2.26	0.55
1:A:759:HIS:C	1:A:760:TYR:CD1	2.80	0.55
1:A:547:THR:O	1:A:924:ASN:OD1	2.24	0.55
1:A:747:TYR:O	1:A:748:VAL:CB	2.54	0.55
1:A:76:GLN:CG	1:A:87:ARG:HD3	2.34	0.55
1:A:288:ASN:HA	1:A:565:SER:OG	2.07	0.55
1:A:341:MET:HE1	1:A:352:GLN:NE2	2.22	0.55
1:A:486:PHE:CD1	1:A:489:ILE:HG13	2.41	0.55
1:A:638:ALA:O	1:A:639:ARG:CB	2.55	0.55
1:A:933:THR:HA	1:A:934:PRO:C	2.26	0.55
1:A:293:ARG:NH2	1:A:563:GLN:HG3	2.19	0.55
1:A:472:TYR:CZ	1:A:476:ARG:HD2	2.42	0.55
1:A:755:TRP:CE3	1:A:756:PRO:HD2	2.42	0.55
1:A:757:ASP:OD2	1:A:760:TYR:O	2.24	0.55
1:A:768:ASN:OD1	1:A:858:ASN:ND2	2.40	0.55
1:A:293:ARG:HH22	1:A:563:GLN:CG	2.19	0.55
1:A:297:ILE:HG23	1:A:330:GLU:CG	2.36	0.55
1:A:366:ASN:ND2	1:A:489:ILE:HG22	2.22	0.55
1:A:447:LEU:O	1:A:452:LYS:HE3	2.06	0.55
1:A:496:ASP:HA	1:A:499:ASP:OD1	2.07	0.55
1:A:108:LYS:HG2	1:A:526:ARG:NH2	2.21	0.55
1:A:865:PHE:O	1:A:878:LEU:HB2	2.06	0.55
1:A:916:VAL:HG13	1:A:917:ARG:N	2.22	0.55
1:A:308:SER:O	1:A:309:GLY:O	2.25	0.55
1:A:559:ASN:OD1	1:A:670:TYR:C	2.45	0.55
1:A:377:ALA:C	1:A:378:PHE:CD2	2.80	0.54
1:A:429:ASP:OD1	1:A:429:ASP:O	2.25	0.54
1:A:745:TYR:HE2	1:A:766:LEU:CD2	2.11	0.54
1:A:376:TYR:O	1:A:378:PHE:CE2	2.60	0.54
1:A:503:PRO:O	1:A:504:PHE:C	2.45	0.54
1:A:728:SER:O	1:A:729:GLN:CB	2.54	0.54
1:A:757:ASP:OD1	1:A:760:TYR:CB	2.55	0.54
1:A:929:ALA:O	1:A:930:TYR:CG	2.61	0.54
1:A:351:ASN:HD22	1:A:515:ARG:HD2	1.72	0.54
1:A:474:ASN:O	1:A:475:ARG:HG3	2.07	0.54
1:A:738:LEU:O	1:A:739:VAL:HG22	2.07	0.54
1:A:779:PHE:O	1:A:785:TYR:CD2	2.60	0.54
1:A:311:LEU:O	1:A:312:ASN:HB3	2.08	0.54
1:A:345:HIS:O	1:A:346:TYR:HD1	1.90	0.54

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:439:ILE:C	1:A:441:SER:H	2.11	0.54
1:A:467:PRO:HA	1:A:472:TYR:CD1	2.41	0.54
1:A:712:PHE:CD1	1:A:712:PHE:N	2.73	0.54
1:A:795:ASN:C	1:A:795:ASN:OD1	2.46	0.54
1:A:652:LEU:O	1:A:904:THR:HG22	2.07	0.54
1:A:116:SER:CB	1:A:470:TYR:HD2	2.21	0.54
1:A:470:TYR:CD1	1:A:474:ASN:HB3	2.43	0.54
1:A:113:ARG:HB3	1:A:117:PHE:HB2	1.90	0.54
1:A:536:PHE:HD2	1:A:614:ASP:CA	2.21	0.54
1:A:907:TYR:CZ	1:A:909:LEU:HD11	2.42	0.54
1:A:216:ALA:C	1:A:218:GLY:N	2.61	0.54
1:A:428:ILE:CG2	1:A:428:ILE:O	2.55	0.54
1:A:355:ASP:CA	1:A:509:ASN:HD21	2.21	0.54
1:A:733:THR:C	1:A:735:ASP:N	2.61	0.54
1:A:739:VAL:C	1:A:741:MET:N	2.61	0.54
1:A:645:ARG:O	1:A:865:PHE:CB	2.56	0.54
1:A:639:ARG:CG	1:A:640:THR:N	2.64	0.54
1:A:737:PHE:CE2	1:A:741:MET:SD	3.01	0.54
1:A:757:ASP:CA	1:A:760:TYR:HB2	2.36	0.54
1:A:222:LYS:HD3	1:A:223:PRO:N	2.23	0.54
1:A:226:ASP:O	1:A:227:ASP:HB3	2.08	0.54
1:A:343:ARG:CZ	1:A:354:VAL:HB	2.37	0.54
1:A:570:LEU:O	1:A:573:ASP:O	2.25	0.54
1:A:481:ASN:OD1	1:A:793:VAL:CG1	2.56	0.54
1:A:876:THR:C	1:A:878:LEU:H	2.10	0.54
1:A:441:SER:O	1:A:446:TYR:CE1	2.61	0.54
1:A:813:ILE:HG13	1:A:814:ALA:N	2.23	0.54
1:A:289:TYR:HB3	1:A:516:SER:OG	2.08	0.53
1:A:535:TYR:CD2	1:A:538:ILE:HG12	2.42	0.53
1:A:809:ASN:OD1	1:A:810:SER:N	2.41	0.53
1:A:6:ASP:OD2	1:A:6:ASP:O	2.27	0.53
1:A:688:ARG:HB2	1:A:896:GLU:HB3	1.89	0.53
1:A:36:ILE:HG23	1:A:46:LYS:NZ	2.23	0.53
1:A:320:VAL:HG12	1:A:928:MET:H	1.74	0.53
1:A:118:LYS:HG2	1:A:120:TYR:CE1	2.44	0.53
1:A:536:PHE:HE2	1:A:613:ALA:HA	1.72	0.53
1:A:67:ARG:HH21	1:A:70:ILE:HA	1.73	0.53
1:A:75:ILE:HG12	1:A:87:ARG:O	2.08	0.53
1:A:878:LEU:O	1:A:884:TYR:HD2	1.92	0.53
1:A:377:ALA:C	1:A:378:PHE:HD2	2.12	0.53
1:A:536:PHE:CD1	1:A:537:ALA:HB2	2.43	0.53

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:679:GLY:HA2	1:A:681:PHE:CE2	2.43	0.53
1:A:617:GLY:O	1:A:618:ALA:HB2	2.08	0.53
1:A:72:PHE:CD2	1:A:90:VAL:HG22	2.43	0.53
1:A:298:ASN:O	1:A:300:LEU:N	2.41	0.53
1:A:297:ILE:HG23	1:A:330:GLU:CD	2.29	0.53
1:A:502:ASN:OD1	1:A:504:PHE:HB2	2.09	0.53
1:A:638:ALA:O	1:A:639:ARG:HB3	2.09	0.53
1:A:752:TYR:N	1:A:753:ARG:NE	2.56	0.53
1:A:113:ARG:CZ	1:A:520:GLY:O	2.57	0.53
1:A:670:TYR:CE1	1:A:672:GLY:HA3	2.44	0.53
1:A:737:PHE:CE2	1:A:741:MET:HG2	2.41	0.53
1:A:33:GLN:O	1:A:36:ILE:HB	2.08	0.53
1:A:419:ASN:ND2	1:A:421:GLY:C	2.55	0.53
1:A:766:LEU:O	1:A:769:PHE:HB3	2.08	0.53
1:A:363:VAL:HG11	1:A:770:ASP:OD2	2.09	0.52
1:A:505:ASN:ND2	1:A:673:SER:H	2.06	0.52
1:A:320:VAL:HG11	1:A:927:ALA:CA	2.38	0.52
1:A:837:LEU:HA	1:A:842:ALA:CB	2.39	0.52
1:A:347:PHE:CZ	1:A:349:LEU:HD22	2.44	0.52
1:A:436:ARG:NH2	1:A:437:ASN:HD21	2.03	0.52
1:A:609:ASP:OD1	1:A:919:ASN:HA	2.09	0.52
1:A:759:HIS:C	1:A:760:TYR:HD1	2.12	0.52
1:A:112:ASP:CB	1:A:524:TYR:HD1	2.17	0.52
1:A:435:ARG:HB3	1:A:485:LEU:CD2	2.39	0.52
1:A:740:GLN:HB2	1:A:765:PHE:CZ	2.44	0.52
1:A:82:ASN:HA	1:A:556:LYS:HD3	1.90	0.52
1:A:81:PRO:HA	1:A:556:LYS:HZ3	1.73	0.52
1:A:716:ARG:HB3	1:A:722:SER:HB3	1.91	0.52
1:A:737:PHE:O	1:A:741:MET:HB2	2.09	0.52
1:A:222:LYS:HZ3	1:A:223:PRO:HG2	1.74	0.52
1:A:428:ILE:O	1:A:430:ILE:HD13	2.09	0.52
1:A:116:SER:HB2	1:A:470:TYR:CD2	2.45	0.52
1:A:356:GLN:OE1	1:A:510:TRP:CE3	2.62	0.52
1:A:536:PHE:CD2	1:A:614:ASP:N	2.77	0.52
1:A:596:SER:HG	1:A:597:ASN:H	1.58	0.52
1:A:599:LEU:HD22	1:A:603:LEU:HB2	1.90	0.52
1:A:85:ARG:NH1	1:A:85:ARG:HG2	2.23	0.52
1:A:99:ASP:N	1:A:542:LEU:HD12	2.25	0.52
1:A:217:TYR:O	1:A:217:TYR:CD2	2.62	0.52
1:A:452:LYS:HG2	1:A:478:PRO:HA	1.92	0.52
1:A:599:LEU:O	1:A:603:LEU:HB2	2.09	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:652:LEU:O	1:A:653:LYS:O	2.26	0.52
1:A:757:ASP:OD1	1:A:767:ARG:NH2	2.41	0.52
1:A:131:ARG:C	1:A:215:GLN:NE2	2.63	0.52
1:A:127:PRO:C	1:A:217:TYR:HE1	2.13	0.52
1:A:41:SER:O	1:A:42:TYR:HB3	2.10	0.52
1:A:504:PHE:CG	1:A:680:THR:HB	2.44	0.52
1:A:678:ASP:OD1	1:A:680:THR:N	2.34	0.52
1:A:793:VAL:C	1:A:795:ASN:N	2.63	0.52
1:A:795:ASN:O	1:A:796:ASP:C	2.48	0.52
1:A:825:GLN:HG3	1:A:826:GLY:H	1.74	0.52
1:A:526:ARG:O	1:A:526:ARG:HG3	2.10	0.52
1:A:618:ALA:HB2	1:A:645:ARG:HH21	1.75	0.52
1:A:742:ALA:C	1:A:744:ASN:N	2.63	0.52
1:A:92:VAL:HB	1:A:546:GLY:N	2.24	0.52
1:A:582:VAL:HG12	1:A:583:ASN:N	2.25	0.52
1:A:619:LYS:HG2	1:A:620:ASN:N	2.25	0.52
1:A:326:ASP:HA	1:A:620:ASN:HB2	1.92	0.52
1:A:778:ASN:O	1:A:788:VAL:HG23	2.09	0.52
1:A:85:ARG:CG	1:A:85:ARG:HH11	2.23	0.52
1:A:447:LEU:HB3	1:A:448:PRO:HD2	1.93	0.52
1:A:570:LEU:O	1:A:575:ALA:N	2.42	0.52
1:A:592:ASP:O	1:A:596:SER:HB3	2.09	0.52
1:A:28:LEU:HB3	1:A:33:GLN:CD	2.29	0.52
1:A:452:LYS:O	1:A:453:PHE:HB2	2.09	0.51
1:A:619:LYS:HG3	1:A:932:ARG:NH2	2.25	0.51
1:A:844:SER:O	1:A:845:SER:C	2.47	0.51
1:A:304:SER:O	1:A:305:GLY:C	2.48	0.51
1:A:489:ILE:CD1	1:A:489:ILE:H	2.19	0.51
1:A:874:GLU:CG	1:A:913:PHE:HE1	2.12	0.51
1:A:598:GLN:O	1:A:602:MET:HG2	2.11	0.51
1:A:600:GLU:C	1:A:602:MET:N	2.63	0.51
1:A:743:THR:HG21	1:A:864:PRO:HB3	1.93	0.51
1:A:779:PHE:O	1:A:785:TYR:HD2	1.92	0.51
1:A:855:LEU:CD2	1:A:856:CYS:H	2.19	0.51
1:A:132:GLU:HG2	1:A:133:ALA:H	1.74	0.51
1:A:24:THR:HG21	1:A:49:PHE:O	2.11	0.51
1:A:451:TYR:O	1:A:479:LEU:HG	2.10	0.51
1:A:493:TRP:CZ2	1:A:774:ARG:HB3	2.45	0.51
1:A:820:VAL:CG2	1:A:822:THR:HG23	2.39	0.51
1:A:836:PRO:O	1:A:842:ALA:HB2	2.11	0.51
1:A:600:GLU:O	1:A:601:LEU:C	2.48	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:343:ARG:NH1	1:A:354:VAL:HB	2.26	0.51
1:A:453:PHE:H	1:A:476:ARG:HG2	1.76	0.51
1:A:652:LEU:HD21	1:A:906:VAL:C	2.31	0.51
1:A:636:ILE:HB	1:A:891:MET:O	2.11	0.51
1:A:107:ILE:CB	1:A:529:ILE:HG13	2.38	0.51
1:A:33:GLN:O	1:A:34:GLN:O	2.28	0.51
1:A:128:LEU:O	1:A:129:ALA:C	2.48	0.51
1:A:320:VAL:HB	1:A:928:MET:HG2	1.92	0.51
1:A:514:TYR:OH	1:A:518:LEU:HD21	2.10	0.51
1:A:350:TRP:CZ3	1:A:532:PRO:HD3	2.46	0.51
1:A:58:ARG:O	1:A:60:VAL:HG22	2.10	0.51
1:A:670:TYR:CZ	1:A:672:GLY:CA	2.93	0.51
1:A:92:VAL:HB	1:A:545:PRO:CA	2.40	0.51
1:A:104:TYR:H	1:A:104:TYR:HD2	1.56	0.51
1:A:506:HIS:CD2	1:A:508:ARG:H	2.29	0.51
1:A:742:ALA:CB	1:A:869:PHE:HB3	2.40	0.51
1:A:93:GLY:HA3	1:A:96:TRP:HB2	1.91	0.51
1:A:99:ASP:CA	1:A:542:LEU:HD12	2.41	0.51
1:A:825:GLN:CG	1:A:826:GLY:N	2.73	0.51
1:A:568:ASN:O	1:A:569:ASP:C	2.48	0.51
1:A:501:VAL:HA	1:A:653:LYS:HZ1	1.76	0.51
1:A:618:ALA:CB	1:A:910:TYR:O	2.55	0.51
1:A:430:ILE:HD13	1:A:430:ILE:N	2.26	0.50
1:A:107:ILE:O	1:A:108:LYS:CB	2.59	0.50
1:A:337:LEU:HD12	1:A:343:ARG:CD	2.35	0.50
1:A:675:PRO:HA	1:A:680:THR:H	1.75	0.50
1:A:728:SER:O	1:A:729:GLN:HB2	2.09	0.50
1:A:855:LEU:HD23	1:A:856:CYS:N	2.17	0.50
1:A:129:ALA:O	1:A:217:TYR:CD1	2.59	0.50
1:A:104:TYR:HD2	1:A:104:TYR:N	2.07	0.50
1:A:511:GLY:O	1:A:514:TYR:N	2.43	0.50
1:A:324:LEU:HD12	1:A:327:ARG:HG3	1.94	0.50
1:A:745:TYR:C	1:A:747:TYR:H	2.14	0.50
1:A:98:LEU:HG	1:A:99:ASP:N	2.26	0.50
1:A:506:HIS:CG	1:A:507:HIS:N	2.80	0.50
1:A:527:PHE:CD1	1:A:528:HIS:N	2.80	0.50
1:A:760:TYR:HE2	1:A:766:LEU:CB	2.24	0.50
1:A:50:ARG:HH11	1:A:50:ARG:CG	2.15	0.50
1:A:342:SER:C	1:A:344:HIS:N	2.65	0.50
1:A:296:PHE:CZ	1:A:351:ASN:HB2	2.47	0.50
1:A:309:GLY:O	1:A:310:THR:OG1	2.28	0.50

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:436:ARG:HB2	1:A:485:LEU:HD11	1.93	0.50
1:A:925:VAL:O	1:A:926:LEU:HD23	2.12	0.50
1:A:897:LEU:N	1:A:897:LEU:CD1	2.75	0.50
1:A:332:SER:HA	1:A:616:LEU:CD2	2.33	0.50
1:A:535:TYR:OH	1:A:537:ALA:HB3	2.11	0.50
1:A:554:LEU:HD23	1:A:579:TYR:CZ	2.47	0.50
1:A:559:ASN:OD1	1:A:569:ASP:CA	2.56	0.50
1:A:596:SER:OG	1:A:597:ASN:N	2.44	0.50
1:A:685:HIS:HB2	1:A:854:PHE:CE2	2.46	0.50
1:A:772:MET:CE	1:A:855:LEU:HD12	2.42	0.50
1:A:440:MET:HG3	1:A:821:TRP:CZ2	2.46	0.50
1:A:315:ARG:HB2	1:A:924:ASN:HD22	1.76	0.50
1:A:82:ASN:O	1:A:82:ASN:OD1	2.29	0.50
1:A:304:SER:O	1:A:306:VAL:N	2.44	0.50
1:A:515:ARG:HG3	1:A:515:ARG:HH21	1.76	0.50
1:A:505:ASN:ND2	1:A:670:TYR:OH	2.45	0.50
1:A:488:ASN:HD22	1:A:774:ARG:HH21	1.58	0.50
1:A:48:LYS:C	1:A:49:PHE:CG	2.85	0.50
1:A:9:THR:HG23	1:A:9:THR:O	2.12	0.50
1:A:95:SER:CB	1:A:593:HIS:ND1	2.74	0.50
1:A:117:PHE:HE1	1:A:289:TYR:HA	1.77	0.50
1:A:554:LEU:CD1	1:A:554:LEU:N	2.74	0.50
1:A:738:LEU:O	1:A:739:VAL:CG2	2.59	0.50
1:A:85:ARG:NH1	1:A:551:GLU:OE2	2.44	0.50
1:A:40:GLY:C	1:A:42:TYR:H	2.14	0.50
1:A:118:LYS:HE2	1:A:285:CYS:C	2.31	0.50
1:A:625:VAL:HG13	1:A:626:PRO:HD2	1.93	0.50
1:A:755:TRP:HB3	1:A:760:TYR:CZ	2.46	0.50
1:A:894:ASN:C	1:A:895:PHE:CD2	2.85	0.50
1:A:898:ASP:O	1:A:899:PRO:C	2.49	0.50
1:A:479:LEU:O	1:A:480:THR:C	2.50	0.50
1:A:484:ASP:OD1	1:A:485:LEU:HB2	2.11	0.50
1:A:443:ILE:CG2	1:A:498:MET:HE2	2.37	0.50
1:A:854:PHE:C	1:A:854:PHE:CD2	2.85	0.50
1:A:865:PHE:CE2	1:A:878:LEU:HB3	2.45	0.50
1:A:868:ASP:OD2	1:A:872:MET:SD	2.70	0.50
1:A:82:ASN:HA	1:A:556:LYS:HB2	1.93	0.50
1:A:295:ASN:N	1:A:351:ASN:O	2.44	0.49
1:A:477:VAL:CG2	1:A:478:PRO:HD2	2.41	0.49
1:A:496:ASP:O	1:A:498:MET:N	2.44	0.49
1:A:337:LEU:HD11	1:A:352:GLN:NE2	2.27	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:544:LEU:HD12	1:A:544:LEU:N	2.28	0.49
1:A:91:ASN:HA	1:A:547:THR:CA	2.41	0.49
1:A:486:PHE:CD2	1:A:834:PRO:HG3	2.47	0.49
1:A:33:GLN:NE2	1:A:33:GLN:CA	2.74	0.49
1:A:48:LYS:O	1:A:49:PHE:CG	2.65	0.49
1:A:8:THR:O	1:A:9:THR:CG2	2.59	0.49
1:A:666:VAL:O	1:A:666:VAL:HG13	2.13	0.49
1:A:376:TYR:HD1	1:A:425:SER:CB	2.25	0.49
1:A:343:ARG:HH12	1:A:354:VAL:CA	2.25	0.49
1:A:479:LEU:O	1:A:482:VAL:N	2.43	0.49
1:A:535:TYR:CE2	1:A:538:ILE:HG23	2.46	0.49
1:A:600:GLU:O	1:A:602:MET:N	2.45	0.49
1:A:706:LEU:HB2	1:A:708:THR:O	2.12	0.49
1:A:85:ARG:HD3	1:A:553:VAL:HG21	1.94	0.49
1:A:838:ILE:O	1:A:841:ASP:O	2.30	0.49
1:A:633:THR:HG23	1:A:894:ASN:ND2	2.27	0.49
1:A:5:PRO:C	1:A:7:LEU:N	2.65	0.49
1:A:635:ASN:N	1:A:892:VAL:HG13	2.27	0.49
1:A:703:ASN:N	1:A:703:ASN:HD22	2.00	0.49
1:A:331:LEU:O	1:A:335:TYR:HB2	2.12	0.49
1:A:332:SER:O	1:A:335:TYR:N	2.40	0.49
1:A:465:ILE:CG2	1:A:466:ASP:N	2.76	0.49
1:A:465:ILE:HG23	1:A:469:THR:CB	2.41	0.49
1:A:496:ASP:C	1:A:498:MET:H	2.15	0.49
1:A:501:VAL:HG12	1:A:502:ASN:N	2.27	0.49
1:A:87:ARG:NH1	1:A:551:GLU:OE1	2.41	0.49
1:A:569:ASP:OD1	1:A:569:ASP:O	2.30	0.49
1:A:328:ASN:HB2	1:A:620:ASN:ND2	2.27	0.49
1:A:825:GLN:CG	1:A:826:GLY:H	2.25	0.49
1:A:838:ILE:HG13	1:A:839:GLY:N	2.27	0.49
1:A:438:PHE:HE1	1:A:442:ASN:HD22	1.56	0.49
1:A:465:ILE:HD12	1:A:465:ILE:N	2.27	0.49
1:A:469:THR:O	1:A:470:TYR:C	2.50	0.49
1:A:647:TRP:HZ3	1:A:700:TRP:CZ3	2.31	0.49
1:A:504:PHE:CE2	1:A:680:THR:HG22	2.48	0.49
1:A:793:VAL:CG2	1:A:794:VAL:N	2.75	0.49
1:A:635:ASN:HA	1:A:892:VAL:CG2	2.43	0.49
1:A:449:ASP:OD2	1:A:467:PRO:HB3	2.12	0.49
1:A:494:SER:O	1:A:495:VAL:C	2.51	0.49
1:A:564:SER:HG	1:A:567:GLY:HA2	1.76	0.49
1:A:611:THR:HA	1:A:917:ARG:HA	1.95	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:679:GLY:C	1:A:681:PHE:N	2.66	0.49
1:A:536:PHE:CE2	1:A:614:ASP:N	2.80	0.49
1:A:361:VAL:O	1:A:443:ILE:HD11	2.12	0.49
1:A:647:TRP:HE3	1:A:863:VAL:HB	1.78	0.49
1:A:127:PRO:CD	1:A:128:LEU:N	2.76	0.49
1:A:514:TYR:CZ	1:A:518:LEU:HD11	2.48	0.49
1:A:293:ARG:HG2	1:A:293:ARG:NH2	2.28	0.49
1:A:358:ASP:O	1:A:359:HIS:C	2.51	0.49
1:A:369:TYR:HD2	1:A:432:ALA:N	2.10	0.49
1:A:868:ASP:O	1:A:869:PHE:CB	2.55	0.49
1:A:449:ASP:HB2	1:A:472:TYR:OH	2.13	0.48
1:A:92:VAL:CB	1:A:545:PRO:HA	2.43	0.48
1:A:594:ASN:N	1:A:594:ASN:ND2	2.48	0.48
1:A:350:TRP:HA	1:A:350:TRP:HE3	1.78	0.48
1:A:72:PHE:CD2	1:A:584:LEU:HD23	2.39	0.48
1:A:756:PRO:C	1:A:758:ARG:N	2.66	0.48
1:A:922:GLU:O	1:A:923:ARG:C	2.51	0.48
1:A:19:ILE:O	1:A:19:ILE:HG22	2.13	0.48
1:A:468:THR:O	1:A:568:ASN:HB2	2.12	0.48
1:A:66:GLN:CG	1:A:67:ARG:H	2.24	0.48
1:A:645:ARG:HH21	1:A:911:GLY:CA	2.27	0.48
1:A:379:LEU:HD13	1:A:380:PRO:HD2	1.95	0.48
1:A:77:THR:O	1:A:78:ASP:CB	2.53	0.48
1:A:350:TRP:HA	1:A:350:TRP:CE3	2.49	0.48
1:A:549:THR:HG22	1:A:550:TYR:N	2.28	0.48
1:A:591:MET:O	1:A:592:ASP:O	2.32	0.48
1:A:745:TYR:HB3	1:A:755:TRP:CG	2.49	0.48
1:A:311:LEU:HG	1:A:312:ASN:N	2.27	0.48
1:A:288:ASN:CG	1:A:566:LEU:HB2	2.34	0.48
1:A:472:TYR:OH	1:A:476:ARG:CZ	2.61	0.48
1:A:478:PRO:C	1:A:479:LEU:HD23	2.34	0.48
1:A:488:ASN:ND2	1:A:777:PRO:HB3	2.23	0.48
1:A:779:PHE:CZ	1:A:843:ILE:C	2.87	0.48
1:A:375:THR:C	1:A:376:TYR:HD2	2.16	0.48
1:A:436:ARG:HH22	1:A:437:ASN:ND2	2.09	0.48
1:A:614:ASP:OD2	1:A:614:ASP:C	2.50	0.48
1:A:762:HIS:O	1:A:764:ASP:N	2.44	0.48
1:A:776:GLY:O	1:A:779:PHE:CA	2.61	0.48
1:A:834:PRO:O	1:A:835:TYR:C	2.51	0.48
1:A:24:THR:HG22	1:A:27:TYR:CZ	2.48	0.48
1:A:666:VAL:O	1:A:666:VAL:HG22	2.13	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:487:THR:N	1:A:489:ILE:HD12	2.29	0.48
1:A:651:ARG:HD3	1:A:683:LEU:HD12	1.96	0.48
1:A:755:TRP:O	1:A:760:TYR:CE1	2.67	0.48
1:A:923:ARG:O	1:A:924:ASN:O	2.32	0.48
1:A:22:PRO:CB	1:A:26:GLU:HB2	2.23	0.48
1:A:23:GLY:O	1:A:27:TYR:HD2	1.97	0.48
1:A:315:ARG:HD2	1:A:925:VAL:HG23	1.95	0.48
1:A:443:ILE:HG23	1:A:498:MET:HG3	1.95	0.48
1:A:484:ASP:C	1:A:484:ASP:OD1	2.53	0.48
1:A:736:TRP:O	1:A:737:PHE:C	2.48	0.48
1:A:66:GLN:HG3	1:A:96:TRP:CE2	2.49	0.48
1:A:838:ILE:CG1	1:A:839:GLY:N	2.76	0.48
1:A:338:ALA:HB3	1:A:763:TYR:HE2	1.79	0.48
1:A:506:HIS:CE1	1:A:507:HIS:CE1	3.02	0.48
1:A:544:LEU:CD2	1:A:600:GLU:HA	2.44	0.48
1:A:737:PHE:HE2	1:A:741:MET:CG	2.26	0.48
1:A:482:VAL:HG13	1:A:483:VAL:N	2.28	0.47
1:A:503:PRO:HG2	1:A:504:PHE:CD1	2.49	0.47
1:A:504:PHE:CD2	1:A:680:THR:HG22	2.48	0.47
1:A:96:TRP:O	1:A:545:PRO:HG3	2.14	0.47
1:A:776:GLY:O	1:A:779:PHE:HA	2.14	0.47
1:A:465:ILE:CD1	1:A:465:ILE:N	2.76	0.47
1:A:286:ARG:HD2	1:A:566:LEU:HD21	1.96	0.47
1:A:738:LEU:C	1:A:739:VAL:CG2	2.83	0.47
1:A:12:PRO:O	1:A:15:GLN:HB2	2.14	0.47
1:A:79:ASP:OD1	1:A:80:THR:N	2.48	0.47
1:A:701:PRO:CB	1:A:705:ARG:HD3	2.41	0.47
1:A:432:ALA:HA	1:A:435:ARG:HB2	1.94	0.47
1:A:480:THR:HG22	1:A:821:TRP:CD1	2.49	0.47
1:A:432:ALA:HB1	1:A:485:LEU:HD13	1.97	0.47
1:A:502:ASN:ND2	1:A:682:TYR:HE2	2.12	0.47
1:A:793:VAL:HG23	1:A:794:VAL:N	2.29	0.47
1:A:913:PHE:O	1:A:932:ARG:HA	2.14	0.47
1:A:120:TYR:O	1:A:287:PRO:CB	2.55	0.47
1:A:122:GLY:O	1:A:123:THR:C	2.52	0.47
1:A:736:TRP:NE1	1:A:740:GLN:NE2	2.61	0.47
1:A:13:ARG:C	1:A:15:GLN:N	2.66	0.47
1:A:225:LYS:O	1:A:227:ASP:N	2.45	0.47
1:A:621:ALA:HB1	1:A:623:TYR:CE1	2.49	0.47
1:A:727:MET:HE2	1:A:728:SER:HB2	1.97	0.47
1:A:559:ASN:CG	1:A:569:ASP:HA	2.35	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:571:ARG:H	1:A:571:ARG:HG3	1.52	0.47
1:A:736:TRP:O	1:A:739:VAL:HG23	2.14	0.47
1:A:928:MET:C	1:A:929:ALA:O	2.52	0.47
1:A:468:THR:CG2	1:A:468:THR:O	2.62	0.47
1:A:446:TYR:OH	1:A:507:HIS:CG	2.66	0.47
1:A:493:TRP:CZ3	1:A:772:MET:HB3	2.50	0.47
1:A:747:TYR:HE2	1:A:755:TRP:HE3	1.61	0.47
1:A:14:LEU:HD22	1:A:19:ILE:CG2	2.45	0.47
1:A:511:GLY:O	1:A:514:TYR:HB3	2.15	0.47
1:A:117:PHE:CD1	1:A:290:ILE:HG12	2.50	0.47
1:A:113:ARG:HD3	1:A:523:ARG:HA	1.96	0.47
1:A:549:THR:CG2	1:A:550:TYR:N	2.78	0.47
1:A:638:ALA:HA	1:A:889:HIS:O	2.15	0.47
1:A:649:PHE:O	1:A:649:PHE:CD1	2.67	0.47
1:A:546:GLY:O	1:A:924:ASN:OD1	2.32	0.47
1:A:688:ARG:CZ	1:A:715:LYS:O	2.62	0.47
1:A:630:THR:O	1:A:896:GLU:HA	2.15	0.47
1:A:376:TYR:CD1	1:A:425:SER:HB3	2.50	0.47
1:A:350:TRP:O	1:A:351:ASN:C	2.53	0.47
1:A:644:MET:N	1:A:934:PRO:HD3	2.30	0.47
1:A:117:PHE:HB3	1:A:523:ARG:HB3	1.95	0.47
1:A:374:PRO:HB2	1:A:427:GLU:HG2	1.96	0.47
1:A:328:ASN:OD1	1:A:331:LEU:HB3	2.15	0.47
1:A:650:THR:HG22	1:A:651:ARG:O	2.14	0.47
1:A:757:ASP:HA	1:A:760:TYR:CB	2.41	0.47
1:A:924:ASN:O	1:A:925:VAL:CB	2.63	0.47
1:A:99:ASP:O	1:A:101:GLY:N	2.48	0.47
1:A:45:LEU:HD23	1:A:48:LYS:CE	2.45	0.47
1:A:895:PHE:CD2	1:A:895:PHE:N	2.83	0.47
1:A:428:ILE:HG23	1:A:430:ILE:HD11	1.96	0.46
1:A:439:ILE:HD12	1:A:484:ASP:HA	1.97	0.46
1:A:300:LEU:HD11	1:A:531:VAL:HG11	1.97	0.46
1:A:72:PHE:HB2	1:A:584:LEU:HB3	1.96	0.46
1:A:924:ASN:O	1:A:925:VAL:CG2	2.63	0.46
1:A:427:GLU:CD	1:A:428:ILE:H	2.19	0.46
1:A:506:HIS:CG	1:A:507:HIS:H	2.33	0.46
1:A:747:TYR:CD2	1:A:755:TRP:HB2	2.50	0.46
1:A:504:PHE:CZ	1:A:858:ASN:OD1	2.65	0.46
1:A:24:THR:HA	1:A:27:TYR:CD2	2.49	0.46
1:A:12:PRO:CA	1:A:15:GLN:OE1	2.57	0.46
1:A:376:TYR:CD2	1:A:376:TYR:N	2.82	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:482:VAL:HG22	1:A:483:VAL:HG13	1.96	0.46
1:A:504:PHE:O	1:A:506:HIS:N	2.44	0.46
1:A:921:PRO:CG	1:A:922:GLU:H	2.28	0.46
1:A:350:TRP:CE3	1:A:532:PRO:HD3	2.50	0.46
1:A:554:LEU:HD23	1:A:579:TYR:CE2	2.50	0.46
1:A:571:ARG:C	1:A:573:ASP:N	2.67	0.46
1:A:774:ARG:HH11	1:A:775:GLN:HB2	1.80	0.46
1:A:883:MET:O	1:A:889:HIS:NE2	2.48	0.46
1:A:116:SER:CB	1:A:470:TYR:CD2	2.98	0.46
1:A:309:GLY:HA3	1:A:552:TRP:CZ3	2.50	0.46
1:A:554:LEU:HD12	1:A:554:LEU:H	1.80	0.46
1:A:599:LEU:CD2	1:A:603:LEU:HB2	2.46	0.46
1:A:727:MET:CG	1:A:728:SER:N	2.79	0.46
1:A:727:MET:HE2	1:A:737:PHE:CD1	2.51	0.46
1:A:638:ALA:HA	1:A:890:SER:HA	1.98	0.46
1:A:93:GLY:O	1:A:96:TRP:N	2.44	0.46
1:A:349:LEU:O	1:A:351:ASN:N	2.48	0.46
1:A:116:SER:HB3	1:A:470:TYR:HD2	1.80	0.46
1:A:111:LEU:CB	1:A:576:GLN:O	2.64	0.46
1:A:625:VAL:HG13	1:A:626:PRO:CD	2.46	0.46
1:A:788:VAL:CG2	1:A:789:SER:N	2.78	0.46
1:A:486:PHE:CD2	1:A:834:PRO:CG	2.98	0.46
1:A:649:PHE:O	1:A:861:TRP:HB2	2.16	0.46
1:A:379:LEU:CB	1:A:424:PRO:HG2	2.32	0.46
1:A:50:ARG:NH1	1:A:50:ARG:HG2	2.18	0.46
1:A:837:LEU:O	1:A:838:ILE:HG23	2.16	0.46
1:A:108:LYS:O	1:A:580:THR:HB	2.15	0.46
1:A:432:ALA:O	1:A:433:ALA:C	2.53	0.46
1:A:472:TYR:O	1:A:473:MET:C	2.53	0.46
1:A:568:ASN:OD1	1:A:568:ASN:O	2.34	0.46
1:A:67:ARG:O	1:A:588:PHE:HB2	2.16	0.46
1:A:779:PHE:HB3	1:A:785:TYR:CD2	2.50	0.46
1:A:299:LEU:HD21	1:A:531:VAL:HG21	1.97	0.46
1:A:481:ASN:CG	1:A:793:VAL:CB	2.82	0.46
1:A:109:GLY:C	1:A:526:ARG:HH11	2.19	0.46
1:A:611:THR:O	1:A:612:PHE:CD1	2.69	0.46
1:A:768:ASN:CG	1:A:858:ASN:ND2	2.68	0.46
1:A:593:HIS:O	1:A:594:ASN:C	2.53	0.46
1:A:316:SER:O	1:A:318:MET:CG	2.63	0.46
1:A:291:GLY:O	1:A:562:LEU:HD23	2.16	0.46
1:A:559:ASN:HB2	1:A:571:ARG:NH1	2.31	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:737:PHE:CE2	1:A:741:MET:CG	2.98	0.46
1:A:315:ARG:NH2	1:A:924:ASN:HB2	2.30	0.46
1:A:66:GLN:HG3	1:A:96:TRP:CZ2	2.51	0.46
1:A:556:LYS:O	1:A:557:ASP:C	2.54	0.46
1:A:128:LEU:N	1:A:128:LEU:HD23	2.30	0.46
1:A:533:GLN:NE2	1:A:533:GLN:O	2.49	0.46
1:A:376:TYR:HD1	1:A:425:SER:HB2	1.81	0.45
1:A:305:GLY:HA2	1:A:308:SER:HB2	1.98	0.45
1:A:326:ASP:OD1	1:A:620:ASN:O	2.34	0.45
1:A:453:PHE:N	1:A:476:ARG:HG2	2.32	0.45
1:A:476:ARG:HG3	1:A:476:ARG:NH1	2.31	0.45
1:A:85:ARG:HD3	1:A:553:VAL:CG2	2.46	0.45
1:A:599:LEU:HD22	1:A:603:LEU:HD23	1.97	0.45
1:A:859:TYR:CG	1:A:860:LEU:N	2.83	0.45
1:A:859:TYR:CE2	1:A:860:LEU:O	2.69	0.45
1:A:545:PRO:O	1:A:923:ARG:HG2	2.16	0.45
1:A:808:ASN:ND2	1:A:809:ASN:H	2.14	0.45
1:A:838:ILE:O	1:A:839:GLY:O	2.34	0.45
1:A:533:GLN:H	1:A:533:GLN:CD	2.19	0.45
1:A:668:PHE:CZ	1:A:670:TYR:HD2	2.34	0.45
1:A:655:SER:O	1:A:668:PHE:HE1	1.98	0.45
1:A:757:ASP:C	1:A:759:HIS:N	2.68	0.45
1:A:756:PRO:C	1:A:758:ARG:H	2.19	0.45
1:A:43:PHE:O	1:A:44:ASP:C	2.53	0.45
1:A:308:SER:HA	1:A:323:GLU:OE2	2.16	0.45
1:A:442:ASN:OD1	1:A:507:HIS:HE1	1.98	0.45
1:A:444:ALA:O	1:A:446:TYR:N	2.49	0.45
1:A:107:ILE:HA	1:A:582:VAL:HG22	1.99	0.45
1:A:716:ARG:HG2	1:A:726:THR:CG2	2.45	0.45
1:A:780:LEU:HD23	1:A:785:TYR:H	1.80	0.45
1:A:481:ASN:HB2	1:A:796:ASP:OD2	2.16	0.45
1:A:636:ILE:CB	1:A:891:MET:O	2.64	0.45
1:A:689:SER:OG	1:A:711:LEU:HB2	2.16	0.45
1:A:298:ASN:H	1:A:330:GLU:CD	2.19	0.45
1:A:652:LEU:CD2	1:A:652:LEU:N	2.78	0.45
1:A:453:PHE:O	1:A:477:VAL:N	2.49	0.45
1:A:700:TRP:CH2	1:A:865:PHE:HA	2.52	0.45
1:A:738:LEU:C	1:A:739:VAL:HG23	2.37	0.45
1:A:11:THR:O	1:A:12:PRO:C	2.54	0.45
1:A:349:LEU:C	1:A:351:ASN:H	2.19	0.45
1:A:439:ILE:O	1:A:441:SER:N	2.50	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:471:PHE:CA	1:A:475:ARG:HD2	2.47	0.45
1:A:571:ARG:O	1:A:574:GLY:N	2.49	0.45
1:A:625:VAL:CG1	1:A:626:PRO:N	2.78	0.45
1:A:654:ALA:HA	1:A:905:TYR:CD2	2.48	0.45
1:A:62:THR:OG1	1:A:64:LYS:HE2	2.17	0.45
1:A:50:ARG:CG	1:A:50:ARG:NH1	2.78	0.45
1:A:342:SER:C	1:A:344:HIS:H	2.20	0.45
1:A:123:THR:HG23	1:A:125:TYR:O	2.16	0.45
1:A:503:PRO:O	1:A:505:ASN:N	2.50	0.45
1:A:442:ASN:OD1	1:A:507:HIS:CE1	2.69	0.45
1:A:547:THR:OG1	1:A:548:TYR:N	2.48	0.45
1:A:683:LEU:HD22	1:A:683:LEU:HA	1.69	0.45
1:A:544:LEU:CB	1:A:545:PRO:HD2	2.47	0.45
1:A:576:GLN:HE21	1:A:576:GLN:HA	1.82	0.45
1:A:67:ARG:HB2	1:A:96:TRP:CH2	2.52	0.45
1:A:727:MET:C	1:A:729:GLN:H	2.19	0.45
1:A:13:ARG:C	1:A:15:GLN:H	2.20	0.45
1:A:129:ALA:O	1:A:130:PRO:O	2.35	0.45
1:A:222:LYS:CG	1:A:223:PRO:HD2	2.40	0.45
1:A:293:ARG:NH2	1:A:563:GLN:CG	2.79	0.45
1:A:623:TYR:N	1:A:623:TYR:CD1	2.82	0.45
1:A:733:THR:O	1:A:735:ASP:N	2.50	0.45
1:A:81:PRO:HA	1:A:556:LYS:NZ	2.32	0.45
1:A:838:ILE:O	1:A:839:GLY:C	2.54	0.45
1:A:418:LEU:N	1:A:418:LEU:HD12	2.32	0.45
1:A:486:PHE:CA	1:A:489:ILE:HD12	2.47	0.45
1:A:553:VAL:HG12	1:A:554:LEU:O	2.16	0.45
1:A:568:ASN:O	1:A:671:SER:OG	2.29	0.45
1:A:707:LEU:O	1:A:708:THR:HG23	2.17	0.45
1:A:493:TRP:CZ3	1:A:772:MET:CB	3.00	0.45
1:A:24:THR:HA	1:A:27:TYR:CZ	2.47	0.45
1:A:99:ASP:C	1:A:101:GLY:H	2.20	0.44
1:A:362:ARG:HH21	1:A:857:ASP:CG	2.18	0.44
1:A:502:ASN:H	1:A:653:LYS:HZ1	1.65	0.44
1:A:71:ARG:NH1	1:A:106:ASP:OD2	2.50	0.44
1:A:111:LEU:HD23	1:A:111:LEU:O	2.16	0.44
1:A:535:TYR:O	1:A:537:ALA:N	2.51	0.44
1:A:615:TYR:O	1:A:616:LEU:C	2.54	0.44
1:A:632:LEU:CD1	1:A:634:ILE:HG12	2.48	0.44
1:A:289:TYR:CE2	1:A:513:LYS:HG3	2.52	0.44
1:A:366:ASN:ND2	1:A:489:ILE:CG2	2.80	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:109:GLY:CA	1:A:526:ARG:HH12	2.19	0.44
1:A:861:TRP:O	1:A:862:THR:CG2	2.65	0.44
1:A:882:PRO:HA	1:A:885:THR:OG1	2.15	0.44
1:A:118:LYS:HE2	1:A:285:CYS:O	2.16	0.44
1:A:472:TYR:C	1:A:472:TYR:CD1	2.91	0.44
1:A:501:VAL:CG1	1:A:502:ASN:N	2.80	0.44
1:A:599:LEU:O	1:A:599:LEU:CD2	2.64	0.44
1:A:752:TYR:H	1:A:753:ARG:NE	2.14	0.44
1:A:132:GLU:CG	1:A:133:ALA:N	2.80	0.44
1:A:705:ARG:CG	1:A:705:ARG:NH1	2.75	0.44
1:A:444:ALA:C	1:A:446:TYR:H	2.20	0.44
1:A:526:ARG:O	1:A:526:ARG:CG	2.63	0.44
1:A:86:VAL:O	1:A:86:VAL:HG23	2.17	0.44
1:A:300:LEU:N	1:A:300:LEU:CD1	2.81	0.44
1:A:446:TYR:C	1:A:498:MET:HE1	2.36	0.44
1:A:449:ASP:HB2	1:A:476:ARG:CD	2.47	0.44
1:A:470:TYR:HD1	1:A:474:ASN:HB3	1.82	0.44
1:A:678:ASP:OD1	1:A:680:THR:CG2	2.61	0.44
1:A:117:PHE:HD1	1:A:290:ILE:HG12	1.83	0.44
1:A:536:PHE:CD1	1:A:537:ALA:N	2.85	0.44
1:A:738:LEU:HD12	1:A:738:LEU:N	2.32	0.44
1:A:762:HIS:C	1:A:764:ASP:N	2.70	0.44
1:A:637:PRO:O	1:A:890:SER:HA	2.18	0.44
1:A:133:ALA:CB	1:A:215:GLN:HA	2.48	0.44
1:A:679:GLY:HA2	1:A:681:PHE:CZ	2.52	0.44
1:A:117:PHE:CE1	1:A:289:TYR:HA	2.53	0.44
1:A:113:ARG:HB2	1:A:523:ARG:CB	2.47	0.44
1:A:487:THR:HG22	1:A:487:THR:O	2.17	0.44
1:A:299:LEU:HD23	1:A:531:VAL:HG21	1.99	0.44
1:A:99:ASP:CB	1:A:542:LEU:HD13	2.45	0.44
1:A:722:SER:C	1:A:724:GLY:N	2.70	0.44
1:A:76:GLN:CB	1:A:87:ARG:HD3	2.48	0.44
1:A:650:THR:O	1:A:906:VAL:O	2.36	0.44
1:A:18:HIS:CE1	1:A:27:TYR:OH	2.71	0.44
1:A:505:ASN:OD1	1:A:672:GLY:CA	2.66	0.44
1:A:727:MET:O	1:A:728:SER:HB3	2.17	0.44
1:A:29:SER:HB3	1:A:32:LEU:HB3	1.96	0.44
1:A:524:TYR:CD1	1:A:524:TYR:CZ	2.90	0.43
1:A:293:ARG:NH2	1:A:563:GLN:HB2	2.33	0.43
1:A:311:LEU:HD23	1:A:311:LEU:C	2.38	0.43
1:A:338:ALA:HB3	1:A:763:TYR:CE2	2.53	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:504:PHE:C	1:A:506:HIS:N	2.70	0.43
1:A:58:ARG:O	1:A:60:VAL:CG2	2.66	0.43
1:A:433:ALA:CA	1:A:436:ARG:NH1	2.42	0.43
1:A:785:TYR:OH	1:A:835:TYR:CE1	2.71	0.43
1:A:93:GLY:N	1:A:96:TRP:HB2	2.33	0.43
1:A:34:GLN:O	1:A:35:PHE:C	2.56	0.43
1:A:423:ILE:HA	1:A:424:PRO:HD2	1.68	0.43
1:A:137:THR:O	1:A:137:THR:HG22	2.18	0.43
1:A:504:PHE:CZ	1:A:680:THR:HA	2.53	0.43
1:A:569:ASP:OD1	1:A:572:ALA:CB	2.66	0.43
1:A:575:ALA:O	1:A:576:GLN:NE2	2.51	0.43
1:A:577:ILE:HD11	1:A:579:TYR:CE1	2.53	0.43
1:A:617:GLY:O	1:A:645:ARG:NH2	2.50	0.43
1:A:534:LYS:N	1:A:534:LYS:HD2	2.33	0.43
1:A:309:GLY:C	1:A:310:THR:OG1	2.57	0.43
1:A:303:ASP:OD1	1:A:327:ARG:O	2.36	0.43
1:A:362:ARG:NH1	1:A:503:PRO:HD3	2.33	0.43
1:A:453:PHE:HD2	1:A:454:SER:H	1.62	0.43
1:A:577:ILE:C	1:A:577:ILE:HD13	2.38	0.43
1:A:625:VAL:HG13	1:A:626:PRO:N	2.33	0.43
1:A:640:THR:CB	1:A:642:GLU:OE2	2.64	0.43
1:A:730:CYS:SG	1:A:732:MET:HG3	2.59	0.43
1:A:881:ASN:HA	1:A:882:PRO:HD3	1.74	0.43
1:A:36:ILE:CG2	1:A:46:LYS:NZ	2.81	0.43
1:A:47:ASN:OD1	1:A:48:LYS:N	2.52	0.43
1:A:108:LYS:CA	1:A:528:HIS:HA	2.30	0.43
1:A:559:ASN:O	1:A:668:PHE:CE2	2.72	0.43
1:A:656:GLU:HG2	1:A:670:TYR:CZ	2.53	0.43
1:A:674:ILE:HG22	1:A:676:TYR:HB3	2.01	0.43
1:A:774:ARG:CD	1:A:775:GLN:N	2.64	0.43
1:A:80:THR:CB	1:A:81:PRO:HD2	2.48	0.43
1:A:429:ASP:O	1:A:431:ALA:N	2.52	0.43
1:A:302:HIS:O	1:A:303:ASP:CB	2.65	0.43
1:A:480:THR:C	1:A:482:VAL:H	2.22	0.43
1:A:726:THR:O	1:A:732:MET:O	2.36	0.43
1:A:745:TYR:C	1:A:747:TYR:N	2.72	0.43
1:A:760:TYR:CD1	1:A:760:TYR:N	2.86	0.43
1:A:85:ARG:C	1:A:86:VAL:HG13	2.38	0.43
1:A:11:THR:CB	1:A:12:PRO:HD3	2.38	0.43
1:A:488:ASN:HD22	1:A:774:ARG:NH2	2.17	0.43
1:A:107:ILE:HG13	1:A:529:ILE:HG13	1.99	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:582:VAL:CG1	1:A:583:ASN:N	2.82	0.43
1:A:544:LEU:HD21	1:A:600:GLU:HA	2.01	0.43
1:A:639:ARG:HB2	1:A:639:ARG:HE	1.60	0.43
1:A:112:ASP:HA	1:A:524:TYR:CA	2.46	0.43
1:A:289:TYR:HB3	1:A:516:SER:HB3	2.00	0.43
1:A:447:LEU:CB	1:A:448:PRO:HD2	2.49	0.43
1:A:450:LYS:HD3	1:A:450:LYS:HA	1.74	0.43
1:A:675:PRO:C	1:A:677:SER:N	2.71	0.43
1:A:433:ALA:O	1:A:436:ARG:CZ	2.66	0.43
1:A:559:ASN:HB3	1:A:670:TYR:O	2.18	0.43
1:A:569:ASP:HB3	1:A:669:LYS:C	2.38	0.43
1:A:619:LYS:HG2	1:A:620:ASN:H	1.83	0.43
1:A:673:SER:C	1:A:674:ILE:HD13	2.39	0.43
1:A:50:ARG:H	1:A:50:ARG:HG2	1.68	0.43
1:A:294:ASP:OD1	1:A:295:ASN:ND2	2.52	0.43
1:A:312:ASN:HB3	1:A:319:ASN:HA	1.99	0.43
1:A:539:LYS:HE3	1:A:540:ASN:ND2	2.33	0.43
1:A:676:TYR:C	1:A:677:SER:OG	2.57	0.43
1:A:739:VAL:HG22	1:A:869:PHE:CE2	2.45	0.43
1:A:740:GLN:HG3	1:A:861:TRP:HZ3	1.83	0.43
1:A:28:LEU:CB	1:A:33:GLN:OE1	2.67	0.43
1:A:109:GLY:C	1:A:526:ARG:NH1	2.72	0.42
1:A:358:ASP:HB3	1:A:361:VAL:CG2	2.48	0.42
1:A:487:THR:C	1:A:489:ILE:H	2.22	0.42
1:A:544:LEU:CD1	1:A:544:LEU:N	2.82	0.42
1:A:504:PHE:CD2	1:A:680:THR:CG2	3.02	0.42
1:A:716:ARG:NH1	1:A:720:THR:OG1	2.52	0.42
1:A:315:ARG:HD2	1:A:924:ASN:O	2.18	0.42
1:A:113:ARG:NH2	1:A:520:GLY:O	2.52	0.42
1:A:110:VAL:O	1:A:111:LEU:CB	2.68	0.42
1:A:302:HIS:O	1:A:303:ASP:HB2	2.18	0.42
1:A:495:VAL:O	1:A:498:MET:HB2	2.18	0.42
1:A:526:ARG:C	1:A:526:ARG:HD2	2.40	0.42
1:A:88:TYR:N	1:A:550:TYR:O	2.52	0.42
1:A:82:ASN:HD21	1:A:663:GLN:NE2	2.05	0.42
1:A:912:VAL:HG21	1:A:934:PRO:O	2.19	0.42
1:A:341:MET:HE1	1:A:352:GLN:HE22	1.83	0.42
1:A:527:PHE:HD1	1:A:528:HIS:N	2.17	0.42
1:A:788:VAL:HG22	1:A:789:SER:N	2.33	0.42
1:A:779:PHE:HE2	1:A:844:SER:CA	2.32	0.42
1:A:893:ILE:N	1:A:893:ILE:HD12	2.34	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:34:GLN:OE1	1:A:34:GLN:HA	2.19	0.42
1:A:34:GLN:HB3	1:A:35:PHE:H	1.64	0.42
1:A:524:TYR:CZ	1:A:524:TYR:CD2	2.94	0.42
1:A:288:ASN:OD1	1:A:566:LEU:HD22	2.20	0.42
1:A:300:LEU:H	1:A:300:LEU:CD1	2.31	0.42
1:A:589:MET:HA	1:A:590:PRO:HD2	1.86	0.42
1:A:651:ARG:CD	1:A:683:LEU:HD12	2.50	0.42
1:A:758:ARG:HG2	1:A:758:ARG:HH11	1.84	0.42
1:A:740:GLN:HB3	1:A:859:TYR:OH	2.19	0.42
1:A:881:ASN:ND2	1:A:881:ASN:C	2.71	0.42
1:A:704:ASP:N	1:A:704:ASP:OD1	2.52	0.42
1:A:690:MET:HA	1:A:894:ASN:O	2.19	0.42
1:A:631:LEU:CA	1:A:895:PHE:O	2.64	0.42
1:A:688:ARG:CB	1:A:896:GLU:O	2.64	0.42
1:A:504:PHE:CD1	1:A:680:THR:HB	2.54	0.42
1:A:508:ARG:CG	1:A:510:TRP:HE1	2.32	0.42
1:A:539:LYS:HB3	1:A:539:LYS:HE2	1.87	0.42
1:A:757:ASP:CG	1:A:767:ARG:HH21	2.19	0.42
1:A:99:ASP:HB2	1:A:542:LEU:CD1	2.44	0.42
1:A:480:THR:OG1	1:A:481:ASN:N	2.50	0.42
1:A:559:ASN:HB2	1:A:571:ARG:HH12	1.85	0.42
1:A:609:ASP:HB2	1:A:917:ARG:CZ	2.50	0.42
1:A:650:THR:CG2	1:A:651:ARG:O	2.67	0.42
1:A:674:ILE:HB	1:A:677:SER:HB2	2.01	0.42
1:A:493:TRP:CD2	1:A:774:ARG:HB3	2.54	0.42
1:A:881:ASN:HD22	1:A:883:MET:N	2.06	0.42
1:A:116:SER:HB2	1:A:470:TYR:HD2	1.83	0.42
1:A:297:ILE:CA	1:A:330:GLU:OE1	2.58	0.42
1:A:353:ALA:HB3	1:A:515:ARG:HD3	2.01	0.42
1:A:472:TYR:HD1	1:A:473:MET:N	2.17	0.42
1:A:502:ASN:CB	1:A:505:ASN:HD22	2.32	0.42
1:A:559:ASN:O	1:A:668:PHE:HE2	2.03	0.42
1:A:316:SER:O	1:A:317:GLY:C	2.58	0.42
1:A:376:TYR:CE2	1:A:427:GLU:CB	3.03	0.42
1:A:293:ARG:O	1:A:294:ASP:C	2.55	0.42
1:A:356:GLN:N	1:A:509:ASN:ND2	2.67	0.42
1:A:486:PHE:C	1:A:489:ILE:HD12	2.40	0.42
1:A:82:ASN:OD1	1:A:301:TYR:OH	2.38	0.42
1:A:809:ASN:CG	1:A:810:SER:H	2.22	0.42
1:A:329:THR:O	1:A:330:GLU:C	2.56	0.42
1:A:736:TRP:CE2	1:A:740:GLN:NE2	2.88	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:61:THR:OG1	1:A:62:THR:N	2.53	0.42
1:A:438:PHE:HD1	1:A:442:ASN:ND2	2.16	0.42
1:A:566:LEU:HA	1:A:566:LEU:HD12	1.78	0.42
1:A:751:GLY:HA2	1:A:753:ARG:CZ	2.50	0.42
1:A:133:ALA:HB1	1:A:134:ILE:HD13	2.02	0.42
1:A:50:ARG:H	1:A:50:ARG:HH11	1.68	0.42
1:A:679:GLY:O	1:A:681:PHE:N	2.51	0.42
1:A:122:GLY:H	1:A:287:PRO:HD3	1.85	0.41
1:A:443:ILE:O	1:A:444:ALA:O	2.38	0.41
1:A:484:ASP:O	1:A:487:THR:OG1	2.28	0.41
1:A:508:ARG:O	1:A:510:TRP:N	2.53	0.41
1:A:728:SER:O	1:A:729:GLN:CG	2.68	0.41
1:A:785:TYR:OH	1:A:835:TYR:CD1	2.73	0.41
1:A:853:LYS:HG3	1:A:854:PHE:N	2.35	0.41
1:A:10:ALA:O	1:A:12:PRO:HD2	2.20	0.41
1:A:82:ASN:HD22	1:A:663:GLN:NE2	2.10	0.41
1:A:484:ASP:CG	1:A:485:LEU:H	2.20	0.41
1:A:499:ASP:OD2	1:A:853:LYS:HE2	2.20	0.41
1:A:751:GLY:HA2	1:A:753:ARG:NH1	2.34	0.41
1:A:92:VAL:HB	1:A:545:PRO:C	2.41	0.41
1:A:115:PRO:HD2	1:A:116:SER:H	1.84	0.41
1:A:297:ILE:HG23	1:A:330:GLU:OE1	2.21	0.41
1:A:645:ARG:O	1:A:865:PHE:HB2	2.20	0.41
1:A:737:PHE:C	1:A:737:PHE:CD2	2.94	0.41
1:A:757:ASP:CG	1:A:760:TYR:O	2.58	0.41
1:A:315:ARG:HH21	1:A:924:ASN:CB	2.33	0.41
1:A:33:GLN:O	1:A:34:GLN:C	2.57	0.41
1:A:653:LYS:NZ	1:A:682:TYR:OH	2.50	0.41
1:A:708:THR:OG1	1:A:713:GLU:HG3	2.20	0.41
1:A:80:THR:OG1	1:A:81:PRO:N	2.54	0.41
1:A:452:LYS:HB3	1:A:477:VAL:O	2.21	0.41
1:A:505:ASN:O	1:A:565:SER:O	2.38	0.41
1:A:752:TYR:N	1:A:753:ARG:NH1	2.53	0.41
1:A:84:TYR:HD2	1:A:554:LEU:CD2	2.19	0.41
1:A:858:ASN:OD1	1:A:858:ASN:N	2.53	0.41
1:A:76:GLN:HB3	1:A:87:ARG:HD3	2.01	0.41
1:A:11:THR:C	1:A:15:GLN:HG3	2.36	0.41
1:A:348:ALA:O	1:A:349:LEU:O	2.39	0.41
1:A:309:GLY:HA3	1:A:552:TRP:CH2	2.56	0.41
1:A:596:SER:O	1:A:597:ASN:C	2.59	0.41
1:A:68:LEU:HD23	1:A:590:PRO:HD3	2.03	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:712:PHE:HD1	1:A:712:PHE:H	1.66	0.41
1:A:779:PHE:HZ	1:A:843:ILE:C	2.24	0.41
1:A:76:GLN:HB3	1:A:87:ARG:CD	2.51	0.41
1:A:918:VAL:CG1	1:A:918:VAL:O	2.67	0.41
1:A:222:LYS:CD	1:A:222:LYS:C	2.85	0.41
1:A:516:SER:O	1:A:517:GLN:HG2	2.19	0.41
1:A:315:ARG:NH1	1:A:923:ARG:O	2.54	0.41
1:A:767:ARG:CG	1:A:767:ARG:HH11	2.25	0.41
1:A:315:ARG:CZ	1:A:923:ARG:O	2.69	0.41
1:A:93:GLY:HA3	1:A:96:TRP:CB	2.50	0.41
1:A:19:ILE:C	1:A:52:THR:HG1	2.24	0.41
1:A:786:ASP:C	1:A:787:LEU:HG	2.40	0.41
1:A:118:LYS:HG2	1:A:120:TYR:CD1	2.56	0.41
1:A:476:ARG:HG3	1:A:476:ARG:HH11	1.84	0.41
1:A:503:PRO:O	1:A:506:HIS:HB2	2.21	0.41
1:A:564:SER:OG	1:A:671:SER:CB	2.67	0.41
1:A:813:ILE:CG1	1:A:814:ALA:H	2.27	0.41
1:A:328:ASN:CG	1:A:331:LEU:HB3	2.41	0.41
1:A:108:LYS:CG	1:A:526:ARG:NH2	2.84	0.41
1:A:559:ASN:HD21	1:A:569:ASP:HB2	1.86	0.41
1:A:645:ARG:O	1:A:865:PHE:HB3	2.19	0.41
1:A:740:GLN:HB2	1:A:765:PHE:CE2	2.56	0.41
1:A:881:ASN:HB3	1:A:884:TYR:CD2	2.55	0.41
1:A:905:TYR:O	1:A:906:VAL:CG2	2.69	0.41
1:A:622:LEU:CD2	1:A:907:TYR:HA	2.48	0.41
1:A:439:ILE:C	1:A:441:SER:N	2.74	0.41
1:A:361:VAL:HG13	1:A:442:ASN:HB3	2.02	0.41
1:A:503:PRO:CG	1:A:504:PHE:H	2.29	0.41
1:A:543:LEU:HB3	1:A:548:TYR:HE2	1.85	0.41
1:A:58:ARG:O	1:A:60:VAL:N	2.53	0.41
1:A:632:LEU:O	1:A:632:LEU:HD13	2.20	0.41
1:A:738:LEU:O	1:A:869:PHE:CE2	2.74	0.41
1:A:745:TYR:CZ	1:A:760:TYR:CE2	3.09	0.41
1:A:856:CYS:SG	1:A:859:TYR:CD2	3.09	0.41
1:A:594:ASN:N	1:A:594:ASN:HD22	1.87	0.41
1:A:54:VAL:HG22	1:A:55:ALA:N	2.36	0.41
1:A:69:GLN:HA	1:A:586:ALA:O	2.21	0.41
1:A:500:ASN:N	1:A:500:ASN:OD1	2.37	0.41
1:A:113:ARG:H	1:A:523:ARG:C	2.24	0.41
1:A:449:ASP:OD1	1:A:450:LYS:HG2	2.21	0.41
1:A:497:GLN:O	1:A:498:MET:HG2	2.21	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:640:THR:CB	1:A:642:GLU:OE1	2.47	0.41
1:A:720:THR:HG23	1:A:723:GLU:HB2	2.01	0.41
1:A:18:HIS:CE1	1:A:27:TYR:HH	2.39	0.41
1:A:28:LEU:HA	1:A:28:LEU:HD23	1.85	0.41
1:A:428:ILE:HG23	1:A:430:ILE:CD1	2.51	0.40
1:A:311:LEU:HG	1:A:312:ASN:H	1.84	0.40
1:A:311:LEU:CG	1:A:312:ASN:N	2.84	0.40
1:A:343:ARG:HB2	1:A:762:HIS:HD2	1.86	0.40
1:A:502:ASN:CG	1:A:505:ASN:ND2	2.71	0.40
1:A:110:VAL:HB	1:A:578:VAL:CG1	2.52	0.40
1:A:85:ARG:O	1:A:86:VAL:HG13	2.21	0.40
1:A:882:PRO:C	1:A:885:THR:H	2.25	0.40
1:A:466:ASP:CB	1:A:467:PRO:CD	2.99	0.40
1:A:472:TYR:OH	1:A:476:ARG:NE	2.54	0.40
1:A:528:HIS:O	1:A:529:ILE:CG2	2.67	0.40
1:A:706:LEU:O	1:A:708:THR:N	2.54	0.40
1:A:764:ASP:CG	1:A:765:PHE:N	2.75	0.40
1:A:301:TYR:HE2	1:A:663:GLN:HA	1.81	0.40
1:A:710:ASN:C	1:A:711:LEU:HG	2.41	0.40
1:A:112:ASP:OD1	1:A:523:ARG:O	2.38	0.40
1:A:312:ASN:OD1	1:A:312:ASN:N	2.54	0.40
1:A:444:ALA:CA	1:A:447:LEU:HD12	2.52	0.40
1:A:99:ASP:CB	1:A:542:LEU:CD1	2.99	0.40
1:A:127:PRO:O	1:A:217:TYR:HE1	2.03	0.40
1:A:430:ILE:O	1:A:431:ALA:C	2.60	0.40
1:A:118:LYS:HB3	1:A:288:ASN:H	1.87	0.40
1:A:470:TYR:CE1	1:A:474:ASN:ND2	2.73	0.40
1:A:512:LEU:HD21	1:A:565:SER:N	2.36	0.40
1:A:99:ASP:CG	1:A:99:ASP:O	2.59	0.40
1:A:444:ALA:HA	1:A:447:LEU:HD12	2.02	0.40
1:A:466:ASP:OD2	1:A:468:THR:HB	2.21	0.40
1:A:598:GLN:CD	1:A:601:LEU:HD23	2.41	0.40
1:A:706:LEU:HB2	1:A:708:THR:C	2.42	0.40
1:A:740:GLN:O	1:A:744:ASN:ND2	2.55	0.40
1:A:85:ARG:HG3	1:A:86:VAL:N	2.36	0.40
1:A:42:TYR:N	1:A:42:TYR:CD1	2.89	0.40

All (12) symmetry-related close contacts are listed below. The label for Atom-2 includes the symmetry operator and encoded unit-cell translations to be applied.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:635:ASN:ND2	1:A:635:ASN:ND2[6_555]	1.53	0.67
1:A:524:TYR:CE2	1:A:847:GLN:CG[3_455]	1.85	0.35
1:A:524:TYR:CZ	1:A:847:GLN:CG[3_455]	1.89	0.31
1:A:524:TYR:CD1	1:A:847:GLN:CB[3_455]	2.00	0.20
1:A:524:TYR:CD2	1:A:847:GLN:CB[3_455]	2.01	0.19
1:A:524:TYR:CG	1:A:847:GLN:CB[3_455]	2.03	0.17
1:A:524:TYR:CE1	1:A:847:GLN:CG[3_455]	2.03	0.17
1:A:524:TYR:CD2	1:A:847:GLN:CG[3_455]	2.04	0.16
1:A:524:TYR:CE1	1:A:847:GLN:CB[3_455]	2.08	0.12
1:A:524:TYR:CE2	1:A:847:GLN:CB[3_455]	2.11	0.09
1:A:29:SER:N	1:A:608:ASN:OD1[3_455]	2.16	0.04
1:A:524:TYR:CZ	1:A:847:GLN:CB[3_455]	2.16	0.04

5.3 Torsion angles [i](#)

5.3.1 Protein backbone [i](#)

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

The Analysed column shows the number of residues for which the backbone conformation was analysed, and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles
1	A	939/942 (100%)	508 (54%)	259 (28%)	172 (18%)	0 3

All (172) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	6	ASP
1	A	11	THR
1	A	34	GLN
1	A	42	TYR
1	A	48	LYS
1	A	53	VAL
1	A	54	VAL
1	A	59	ASN
1	A	78	ASP
1	A	108	LYS
1	A	115	PRO
1	A	123	THR

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	125	TYR
1	A	127	PRO
1	A	130	PRO
1	A	217	TYR
1	A	227	ASP
1	A	278	ASN
1	A	299	LEU
1	A	317	GLY
1	A	349	LEU
1	A	382	GLY
1	A	444	ALA
1	A	471	PHE
1	A	485	LEU
1	A	489	ILE
1	A	495	VAL
1	A	524	TYR
1	A	539	LYS
1	A	545	PRO
1	A	547	THR
1	A	592	ASP
1	A	597	ASN
1	A	626	PRO
1	A	627	ALA
1	A	653	LYS
1	A	666	VAL
1	A	703	ASN
1	A	718	VAL
1	A	726	THR
1	A	727	MET
1	A	739	VAL
1	A	746	ASN
1	A	748	VAL
1	A	778	ASN
1	A	792	PRO
1	A	805	ASN
1	A	810	SER
1	A	828	ALA
1	A	838	ILE
1	A	842	ALA
1	A	843	ILE
1	A	845	SER
1	A	846	ASN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	865	PHE
1	A	888	SER
1	A	915	THR
1	A	916	VAL
1	A	923	ARG
1	A	925	VAL
1	A	44	ASP
1	A	100	MET
1	A	111	LEU
1	A	202	VAL
1	A	211	ALA
1	A	228	GLY
1	A	281	THR
1	A	284	ALA
1	A	296	PHE
1	A	298	ASN
1	A	305	GLY
1	A	309	GLY
1	A	350	TRP
1	A	359	HIS
1	A	360	ASP
1	A	369	TYR
1	A	384	GLY
1	A	399	TYR
1	A	430	ILE
1	A	440	MET
1	A	445	ASP
1	A	449	ASP
1	A	481	ASN
1	A	536	PHE
1	A	574	GLY
1	A	639	ARG
1	A	678	ASP
1	A	704	ASP
1	A	711	LEU
1	A	729	GLN
1	A	750	ASN
1	A	757	ASP
1	A	794	VAL
1	A	795	ASN
1	A	799	SER
1	A	802	SER

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	804	ASP
1	A	807	ARG
1	A	809	ASN
1	A	839	GLY
1	A	864	PRO
1	A	899	PRO
1	A	906	VAL
1	A	907	TYR
1	A	921	PRO
1	A	924	ASN
1	A	929	ALA
1	A	936	ALA
1	A	20	ALA
1	A	35	PHE
1	A	46	LYS
1	A	128	LEU
1	A	158	ASN
1	A	173	SER
1	A	179	PRO
1	A	212	GLY
1	A	241	ASP
1	A	312	ASN
1	A	431	ALA
1	A	459	ASP
1	A	470	TYR
1	A	480	THR
1	A	494	SER
1	A	497	GLN
1	A	505	ASN
1	A	517	GLN
1	A	518	LEU
1	A	610	GLN
1	A	717	PRO
1	A	763	TYR
1	A	785	TYR
1	A	815	PRO
1	A	819	PRO
1	A	886	ASN
1	A	126	ASN
1	A	225	LYS
1	A	362	ARG
1	A	381	ASP

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	419	ASN
1	A	429	ASP
1	A	504	PHE
1	A	590	PRO
1	A	667	GLY
1	A	696	THR
1	A	803	GLN
1	A	808	ASN
1	A	813	ILE
1	A	897	LEU
1	A	129	ALA
1	A	134	ILE
1	A	149	VAL
1	A	226	ASP
1	A	353	ALA
1	A	380	PRO
1	A	418	LEU
1	A	453	PHE
1	A	460	PRO
1	A	475	ARG
1	A	478	PRO
1	A	637	PRO
1	A	755	TRP
1	A	771	PRO
1	A	279	SER
1	A	428	ILE
1	A	806	VAL
1	A	927	ALA
1	A	538	ILE
1	A	107	ILE
1	A	119	PRO
1	A	818	TRP
1	A	218	GLY
1	A	268	VAL

5.3.2 Protein sidechains ⓘ

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

The Analysed column shows the number of residues for which the sidechain conformation was analysed, and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles
1	A	821/822 (100%)	666 (81%)	155 (19%)	2 14

All (155) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	8	THR
1	A	11	THR
1	A	28	LEU
1	A	33	GLN
1	A	34	GLN
1	A	41	SER
1	A	50	ARG
1	A	51	GLN
1	A	52	THR
1	A	58	ARG
1	A	59	ASN
1	A	60	VAL
1	A	63	GLU
1	A	64	LYS
1	A	75	ILE
1	A	80	THR
1	A	82	ASN
1	A	85	ARG
1	A	99	ASP
1	A	104	TYR
1	A	111	LEU
1	A	112	ASP
1	A	113	ARG
1	A	120	TYR
1	A	123	THR
1	A	127	PRO
1	A	128	LEU
1	A	132	GLU
1	A	134	ILE
1	A	136	ASN
1	A	199	ILE
1	A	283	ARG
1	A	294	ASP
1	A	300	LEU
1	A	304	SER
1	A	311	LEU
1	A	318	MET
1	A	335	TYR

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	337	LEU
1	A	341	MET
1	A	343	ARG
1	A	344	HIS
1	A	345	HIS
1	A	347	PHE
1	A	350	TRP
1	A	351	ASN
1	A	356	GLN
1	A	359	HIS
1	A	369	TYR
1	A	373	VAL
1	A	375	THR
1	A	378	PHE
1	A	379	LEU
1	A	387	GLU
1	A	418	LEU
1	A	419	ASN
1	A	427	GLU
1	A	435	ARG
1	A	439	ILE
1	A	451	TYR
1	A	453	PHE
1	A	455	ILE
1	A	460	PRO
1	A	466	ASP
1	A	469	THR
1	A	470	TYR
1	A	471	PHE
1	A	472	TYR
1	A	481	ASN
1	A	486	PHE
1	A	489	ILE
1	A	492	ARG
1	A	493	TRP
1	A	499	ASP
1	A	500	ASN
1	A	519	LEU
1	A	521	ASN
1	A	522	SER
1	A	533	GLN
1	A	534	LYS

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	536	PHE
1	A	545	PRO
1	A	547	THR
1	A	550	TYR
1	A	552	TRP
1	A	571	ARG
1	A	577	ILE
1	A	589	MET
1	A	591	MET
1	A	594	ASN
1	A	599	LEU
1	A	603	LEU
1	A	607	THR
1	A	608	ASN
1	A	611	THR
1	A	616	LEU
1	A	623	TYR
1	A	630	THR
1	A	634	ILE
1	A	635	ASN
1	A	639	ARG
1	A	644	MET
1	A	650	THR
1	A	652	LEU
1	A	663	GLN
1	A	664	TYR
1	A	683	LEU
1	A	695	ASP
1	A	697	SER
1	A	703	ASN
1	A	704	ASP
1	A	705	ARG
1	A	711	LEU
1	A	712	PHE
1	A	722	SER
1	A	727	MET
1	A	731	ASP
1	A	747	TYR
1	A	753	ARG
1	A	754	PHE
1	A	758	ARG
1	A	760	TYR

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	762	HIS
1	A	766	LEU
1	A	767	ARG
1	A	768	ASN
1	A	769	PHE
1	A	772	MET
1	A	773	SER
1	A	779	PHE
1	A	788	VAL
1	A	807	ARG
1	A	808	ASN
1	A	812	PHE
1	A	816	ARG
1	A	824	GLN
1	A	827	GLU
1	A	841	ASP
1	A	847	GLN
1	A	850	ASN
1	A	853	LYS
1	A	854	PHE
1	A	855	LEU
1	A	858	ASN
1	A	867	SER
1	A	869	PHE
1	A	874	GLU
1	A	880	GLN
1	A	881	ASN
1	A	897	LEU
1	A	899	PRO
1	A	904	THR
1	A	915	THR
1	A	917	ARG
1	A	926	LEU

Some sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (27) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	33	GLN
1	A	66	GLN
1	A	82	ASN
1	A	136	ASN
1	A	215	GLN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	295	ASN
1	A	302	HIS
1	A	351	ASN
1	A	352	GLN
1	A	419	ASN
1	A	437	ASN
1	A	488	ASN
1	A	505	ASN
1	A	517	GLN
1	A	528	HIS
1	A	540	ASN
1	A	563	GLN
1	A	594	ASN
1	A	597	ASN
1	A	610	GLN
1	A	624	ASN
1	A	703	ASN
1	A	740	GLN
1	A	744	ASN
1	A	759	HIS
1	A	858	ASN
1	A	881	ASN

5.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

5.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

5.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

5.7 Other polymers

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues

There are no chain breaks in this entry.

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

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

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

Mol	Chain	Analysed	<RSRZ>	#RSRZ>2	OWAB(Å ²)	Q<0.9
1	A	719/942 (76%)	-0.09	5 (0%) 89 84	30, 30, 30, 30	4 (0%)

All (5) RSRZ outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	RSRZ
1	A	199	ILE	8.6
1	A	8	THR	3.1
1	A	9	THR	2.7
1	A	174	ILE	2.1
1	A	521	ASN	2.0

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

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

6.3 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

6.4 Ligands [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.5 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.