



# Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Apr 26, 2016 – 03:33 PM BST

PDB ID : 1L3G  
Title : NMR Structure of the DNA-binding Domain of Cell Cycle Protein, Mbp1(2-124) from *Saccharomyces cerevisiae*  
Authors : Nair, M.; McIntosh, P.B.; Frenkiel, T.A.; Kelly, G.; Taylor, I.A.; Smerdon, S.J.; Lane, A.N.  
Deposited on : 2002-02-27

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

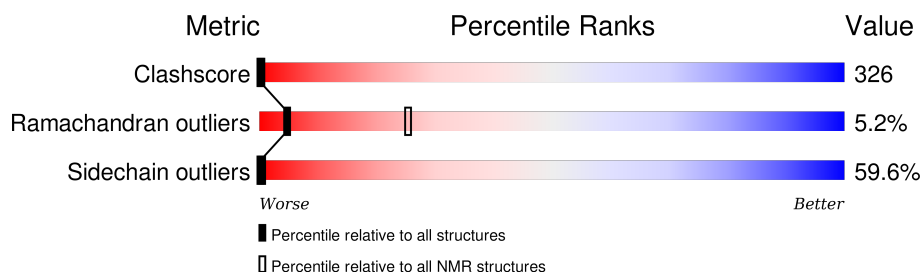
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

*SOLUTION NMR*

The overall completeness of chemical shifts assignment is 47%.

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	136	

## 2 Ensemble composition and analysis ⓘ

This entry contains 19 models. Model 6 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 9 as representative, based on the following criterion: *closest to the average*.

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

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	Residue range (total)	Backbone RMSD (Å)	Medoid model
1	A:4-A:101 (98)	0.45	6
2	A:116-A:124 (9)	0.73	5

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 and 1 single-model cluster was found.

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

### 3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 1946 atoms, of which 961 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	123	Total	C	H	N	O	S	0
			1946	630	961	174	180	1	

There are 13 discrepancies between the modelled and reference sequences:

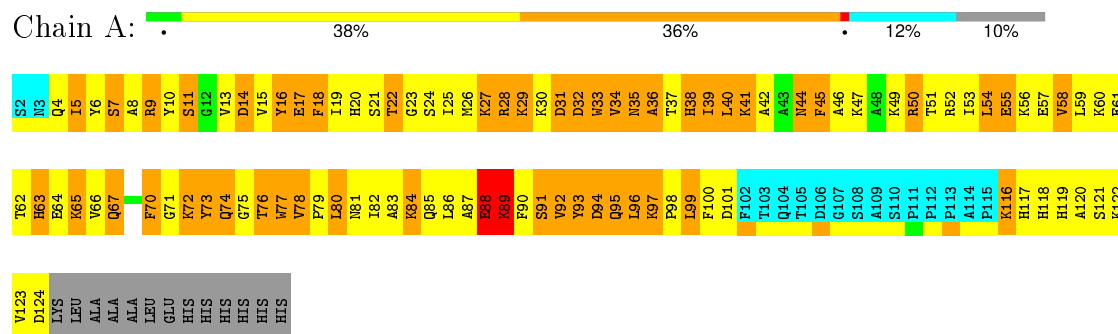
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	125	LYS	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	126	LEU	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	127	ALA	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	128	ALA	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	129	ALA	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	130	LEU	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	131	GLU	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	132	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	133	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	134	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	135	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	136	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678
A	137	HIS	-	EXPRESSION TAG	UNP P39678

## 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: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1

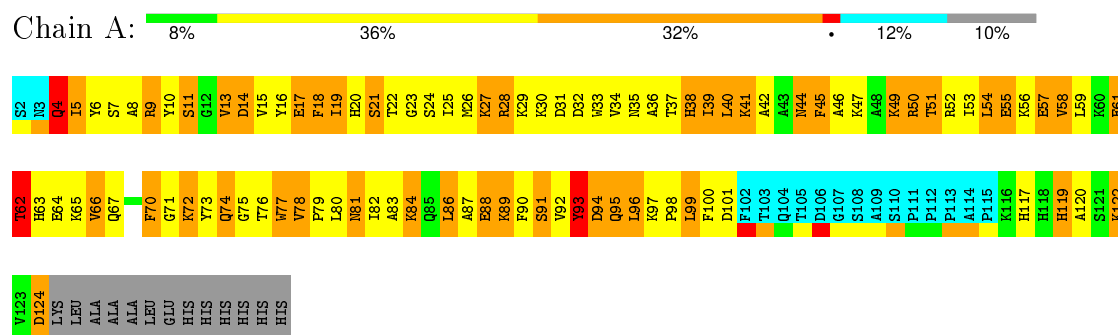


### 4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

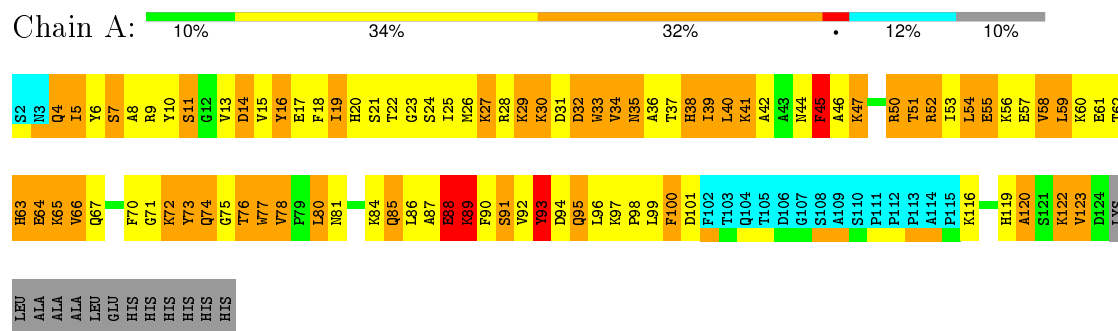
#### 4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



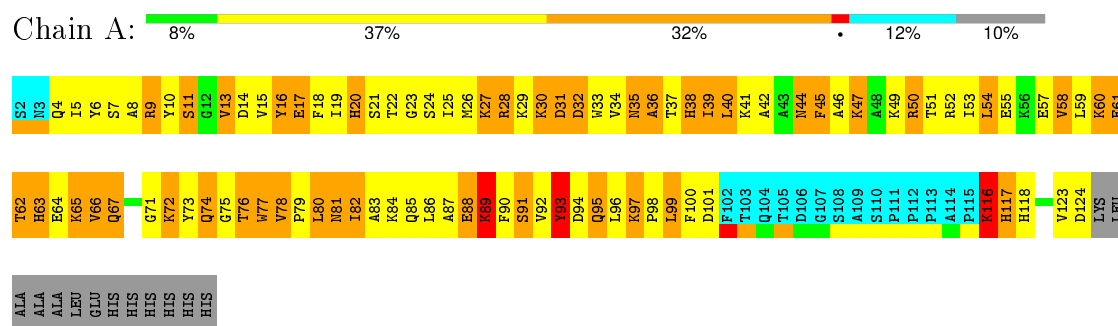
### 4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



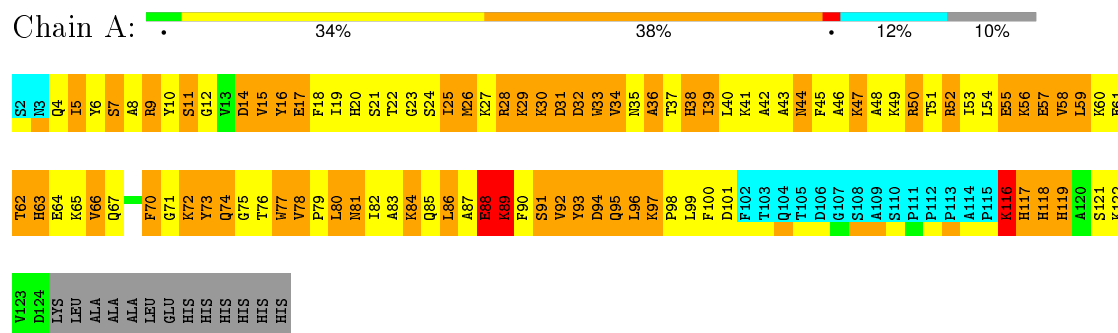
### 4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



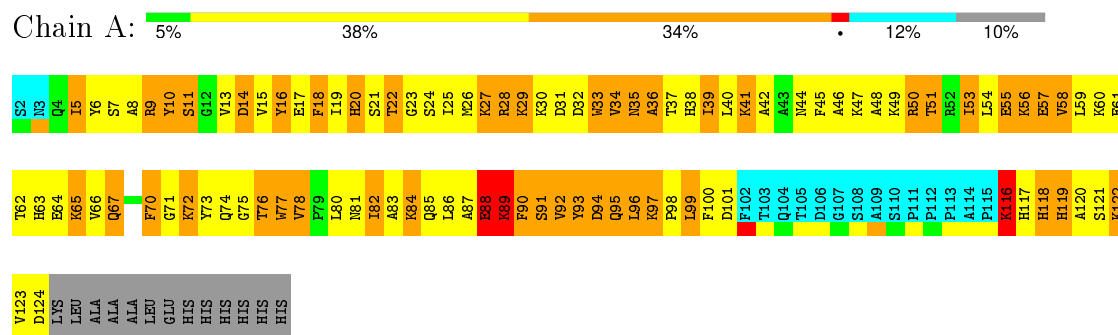
#### 4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



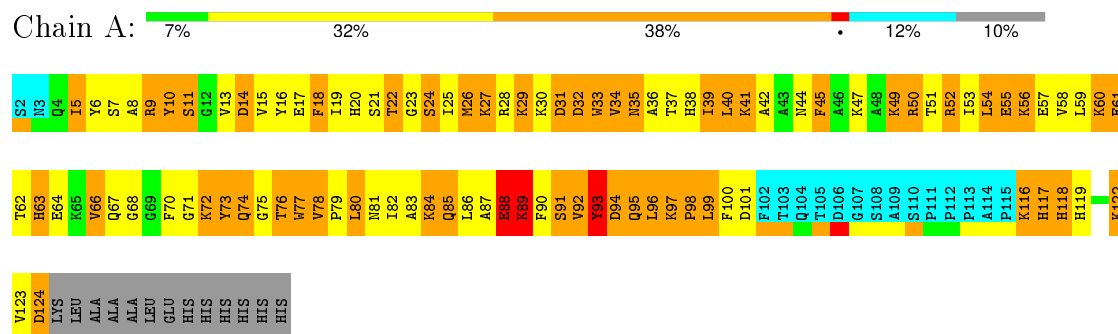
#### 4.2.5 Score per residue for model 5

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



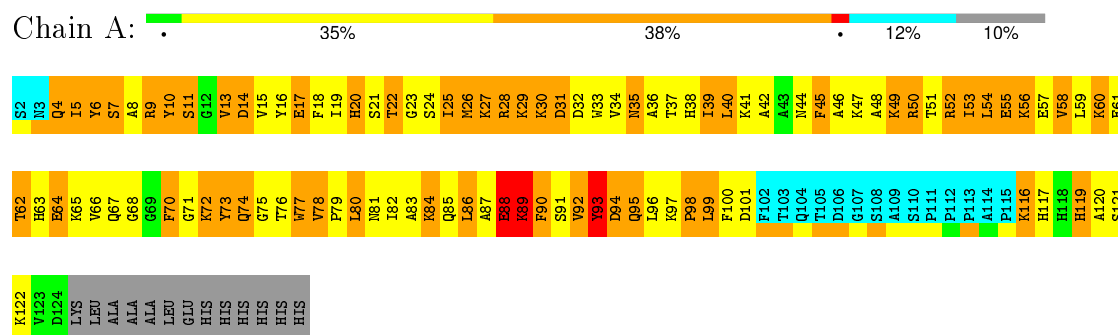
#### 4.2.6 Score per residue for model 6 (medoid)

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



#### 4.2.7 Score per residue for model 7

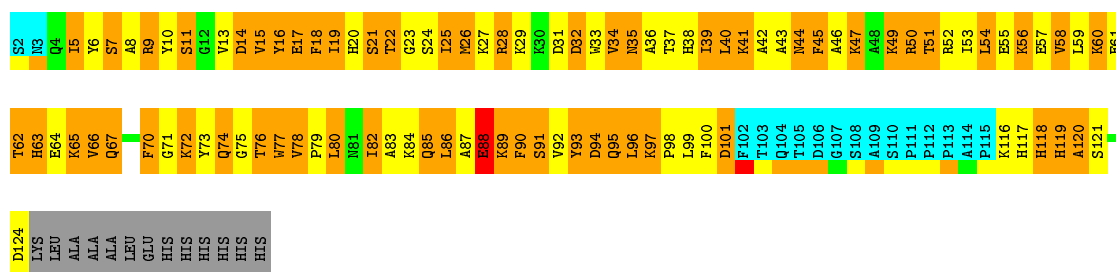
- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



#### 4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1





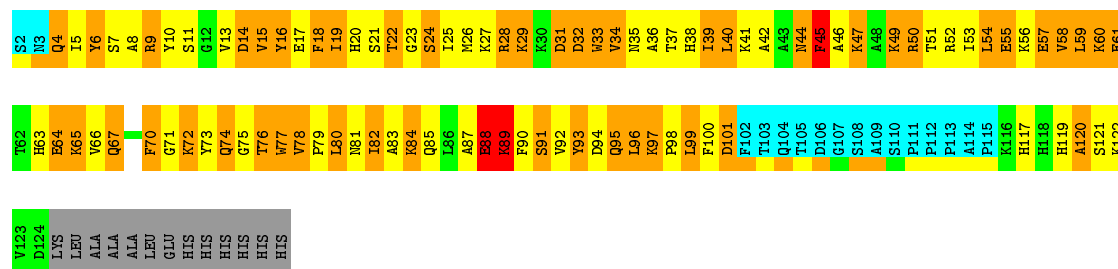




#### 4.2.12 Score per residue for model 12

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1

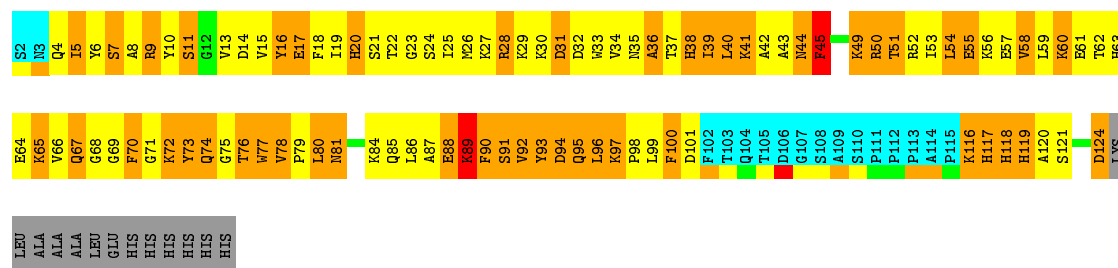
Chain A: 9% 32% 36% 12% 10%



#### 4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1

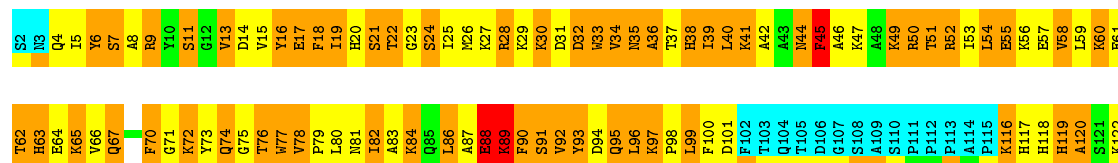
Chain A: 6% 36% 35% 12% 10%

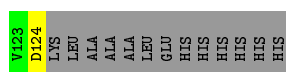


#### 4.2.14 Score per residue for model 14

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1

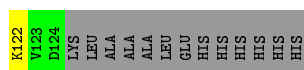
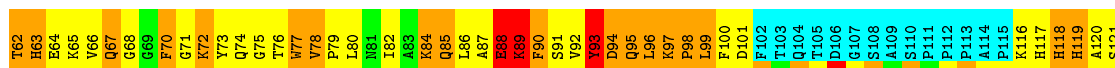
Chain A: 7% 29% 41% 12% 10%





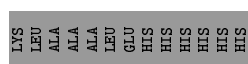
#### 4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



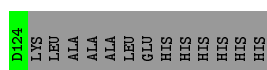
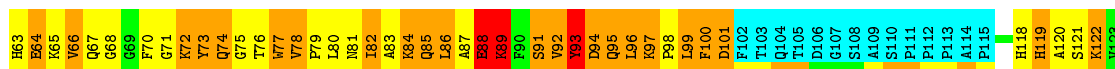
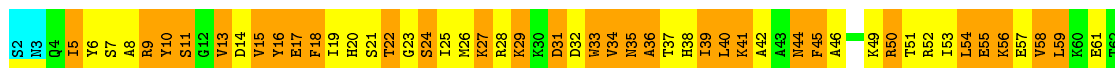
#### 4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



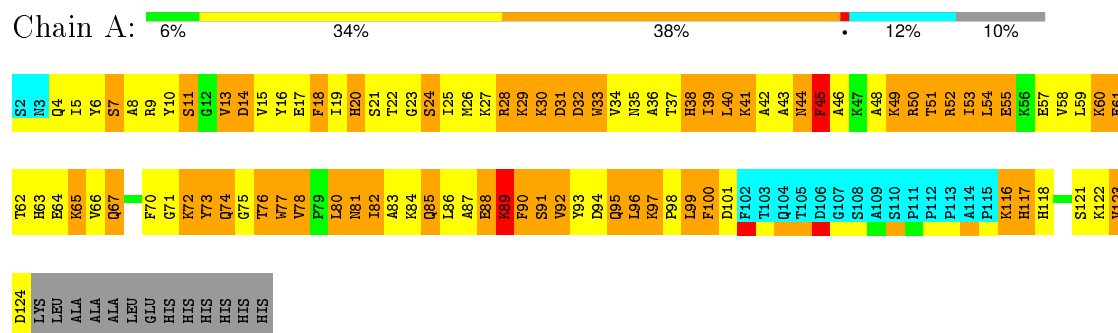
#### 4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



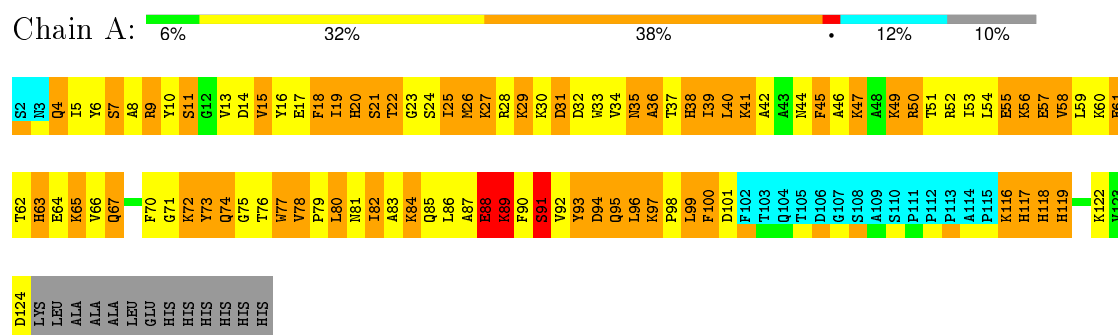
### 4.2.18 Score per residue for model 18

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



### 4.2.19 Score per residue for model 19

- Molecule 1: TRANSCRIPTION FACTOR Mbp1



## 5 Refinement protocol and experimental data overview

The models were refined using the following method: *simulated annealing, energy minimization*.

Of the 1000 calculated structures, 19 were deposited, based on the following criterion: *A total of 1000 conformers calculated. 100 conformers with low target function selected for refinement. Final set comprises 19 conformers with least restraint violation.*

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

Software name	Classification	Version
DYANA	structure solution	1.5
X-PLOR	refinement	3.8
Talos	structure solution	98.040.21.02

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

Chemical shift file(s)	BMRB entry 4254
Number of chemical shift lists	1
Total number of shifts	856
Number of shifts mapped to atoms	856
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Assignment completeness (well-defined parts)	47%

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

## 6 Model quality [i](#)

### 6.1 Standard geometry [i](#)

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 [i](#)

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	875	864	883	574±46
All	All	16625	16416	16777	10904

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 326.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:87:ALA:HB1	1:A:92:VAL:CG2	1.61	1.21	4	9
1:A:66:VAL:HG21	1:A:71:GLY:C	1.52	1.16	13	7
1:A:25:ILE:HD11	1:A:38:HIS:CB	1.50	1.32	2	5
1:A:41:LYS:NZ	1:A:54:LEU:HD12	1.48	1.15	9	2
1:A:87:ALA:CB	1:A:92:VAL:HG23	1.46	1.38	14	4
1:A:92:VAL:CG1	1:A:96:LEU:HD21	1.45	1.38	14	11
1:A:25:ILE:HD13	1:A:38:HIS:CG	1.45	1.42	16	4
1:A:82:ILE:HD12	1:A:83:ALA:N	1.44	1.17	11	3
1:A:16:TYR:CD1	1:A:18:PHE:CE2	1.44	2.05	3	2
1:A:58:VAL:HG22	1:A:63:HIS:CB	1.44	1.37	7	9
1:A:33:TRP:CZ3	1:A:62:THR:HG21	1.43	1.49	7	11
1:A:34:VAL:HG11	1:A:39:ILE:CD1	1.42	1.44	9	9
1:A:16:TYR:CE1	1:A:18:PHE:CD2	1.41	2.08	15	2
1:A:38:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HD22	1.40	1.23	17	7

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:18:PHE:CE1	1:A:20:HIS:CE1	1.40	2.10	8	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:96:LEU:HD23	1.40	1.52	5	2
1:A:6:TYR:CE2	1:A:17:GLU:CB	1.39	2.04	11	1
1:A:66:VAL:HG21	1:A:72:LYS:N	1.39	1.02	12	5
1:A:50:ARG:CD	1:A:54:LEU:HD12	1.39	1.46	17	1
1:A:16:TYR:CD1	1:A:18:PHE:CZ	1.38	2.09	15	2
1:A:58:VAL:HG23	1:A:63:HIS:CG	1.37	1.53	18	1
1:A:31:ASP:CB	1:A:33:TRP:CE2	1.36	2.08	3	17
1:A:54:LEU:O	1:A:58:VAL:HG23	1.36	1.20	3	8
1:A:63:HIS:CD2	1:A:76:THR:CG2	1.36	2.06	8	3
1:A:8:ALA:HB1	1:A:10:TYR:CE2	1.35	1.54	19	3
1:A:16:TYR:CG	1:A:18:PHE:CZ	1.35	2.14	15	2
1:A:16:TYR:CE1	1:A:18:PHE:CE2	1.35	2.14	15	2
1:A:64:GLU:CB	1:A:77:TRP:CD1	1.35	2.09	9	2
1:A:92:VAL:CB	1:A:96:LEU:HD13	1.34	1.53	7	1
1:A:92:VAL:CB	1:A:96:LEU:HD23	1.34	1.50	2	2
1:A:28:ARG:NH1	1:A:33:TRP:CZ3	1.34	1.96	6	1
1:A:96:LEU:HD23	1:A:96:LEU:N	1.33	1.23	6	3
1:A:54:LEU:O	1:A:58:VAL:HG13	1.33	1.12	18	2
1:A:58:VAL:HG21	1:A:76:THR:CG2	1.33	1.52	7	2
1:A:13:VAL:HG21	1:A:28:ARG:NH1	1.33	1.35	9	2
1:A:58:VAL:HG23	1:A:63:HIS:CB	1.33	1.54	18	2
1:A:66:VAL:HG11	1:A:71:GLY:CA	1.32	1.52	5	5
1:A:58:VAL:CG2	1:A:63:HIS:CB	1.32	2.08	18	11
1:A:15:VAL:HG12	1:A:27:LYS:O	1.32	1.20	5	12
1:A:39:ILE:CG2	1:A:87:ALA:HB2	1.31	1.54	7	13
1:A:28:ARG:CB	1:A:33:TRP:CD1	1.31	2.13	5	16
1:A:92:VAL:CG1	1:A:96:LEU:HD23	1.31	1.52	2	2
1:A:15:VAL:HG21	1:A:26:MET:SD	1.30	1.64	7	5
1:A:15:VAL:HG13	1:A:27:LYS:O	1.30	1.17	11	1
1:A:4:GLN:N	1:A:18:PHE:CZ	1.30	1.99	1	1
1:A:25:ILE:CG1	1:A:38:HIS:CD2	1.30	2.15	6	4
1:A:66:VAL:HG21	1:A:71:GLY:O	1.30	1.17	14	14
1:A:72:LYS:NZ	1:A:73:TYR:CE1	1.29	1.99	4	4
1:A:31:ASP:CG	1:A:33:TRP:CZ2	1.29	2.06	18	8
1:A:38:HIS:NE2	1:A:96:LEU:CG	1.29	1.96	7	2
1:A:58:VAL:HG13	1:A:63:HIS:CB	1.28	1.59	1	9
1:A:5:ILE:CD1	1:A:18:PHE:CG	1.28	2.16	3	1
1:A:57:GLU:CD	1:A:86:LEU:HD21	1.28	1.47	2	1
1:A:50:ARG:CD	1:A:54:LEU:HD13	1.27	1.56	3	1
1:A:99:LEU:C	1:A:99:LEU:HD23	1.27	1.40	18	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:31:ASP:CG	1:A:33:TRP:CE2	1.27	2.07	4	1
1:A:66:VAL:HG23	1:A:70:PHE:O	1.27	1.17	13	4
1:A:66:VAL:CG1	1:A:74:GLN:NE2	1.26	1.98	1	1
1:A:58:VAL:CG1	1:A:63:HIS:CB	1.26	2.13	19	13
1:A:18:PHE:CD2	1:A:25:ILE:O	1.26	1.88	19	1
1:A:24:SER:C	1:A:25:ILE:HD13	1.26	1.49	4	5
1:A:92:VAL:CG2	1:A:96:LEU:HD11	1.26	1.58	18	7
1:A:66:VAL:CG2	1:A:72:LYS:N	1.26	1.97	12	6
1:A:15:VAL:CG1	1:A:27:LYS:N	1.26	1.96	11	1
1:A:67:GLN:O	1:A:70:PHE:CZ	1.26	1.89	17	1
1:A:31:ASP:CB	1:A:33:TRP:CZ2	1.26	2.18	5	15
1:A:64:GLU:CB	1:A:77:TRP:CH2	1.26	2.19	13	1
1:A:88:GLU:O	1:A:93:TYR:CG	1.25	1.87	14	2
1:A:87:ALA:CB	1:A:92:VAL:CG2	1.25	2.14	4	3
1:A:34:VAL:CG1	1:A:39:ILE:CD1	1.25	2.13	9	9
1:A:6:TYR:CD2	1:A:17:GLU:O	1.25	1.88	7	4
1:A:74:GLN:OE1	1:A:77:TRP:CE2	1.25	1.88	1	2
1:A:25:ILE:HG23	1:A:35:ASN:OD1	1.25	1.30	6	5
1:A:18:PHE:O	1:A:25:ILE:HD12	1.25	1.32	1	2
1:A:38:HIS:CE1	1:A:96:LEU:CD2	1.25	2.20	7	3
1:A:33:TRP:CE3	1:A:62:THR:HG21	1.25	1.65	3	5
1:A:38:HIS:NE2	1:A:96:LEU:CD2	1.25	1.98	17	9
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:CB	1.25	2.20	15	7
1:A:93:TYR:CD1	1:A:94:ASP:N	1.25	2.05	13	6
1:A:64:GLU:CD	1:A:77:TRP:CE3	1.25	2.09	16	1
1:A:55:GLU:O	1:A:59:LEU:CB	1.24	1.85	11	19
1:A:74:GLN:OE1	1:A:77:TRP:CZ2	1.24	1.89	1	1
1:A:54:LEU:CD1	1:A:76:THR:HG21	1.24	1.62	12	2
1:A:99:LEU:HD12	1:A:99:LEU:O	1.24	1.07	15	3
1:A:99:LEU:HD22	1:A:100:PHE:CD1	1.24	1.66	3	1
1:A:92:VAL:HG12	1:A:96:LEU:CD2	1.24	1.60	19	5
1:A:96:LEU:N	1:A:96:LEU:HD23	1.24	1.37	8	6
1:A:38:HIS:O	1:A:92:VAL:HG21	1.24	1.26	2	5
1:A:41:LYS:CE	1:A:54:LEU:HD12	1.24	1.62	9	2
1:A:58:VAL:CG2	1:A:63:HIS:CG	1.24	2.19	18	1
1:A:28:ARG:NH1	1:A:30:LYS:NZ	1.24	1.86	7	1
1:A:26:MET:CB	1:A:74:GLN:NE2	1.23	2.00	16	8
1:A:20:HIS:ND1	1:A:38:HIS:NE2	1.23	1.86	7	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:54:LEU:CD2	1.23	1.63	18	1
1:A:40:LEU:HD12	1:A:44:ASN:OD1	1.23	1.34	11	1
1:A:44:ASN:O	1:A:45:PHE:CD2	1.23	1.92	17	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:VAL:HG11	1:A:26:MET:CG	1.23	1.61	11	1
1:A:15:VAL:CG2	1:A:26:MET:SD	1.23	2.27	7	4
1:A:38:HIS:CE1	1:A:39:ILE:CD1	1.23	2.22	16	7
1:A:99:LEU:O	1:A:99:LEU:HD12	1.23	1.33	11	5
1:A:25:ILE:CG1	1:A:38:HIS:CG	1.23	2.21	8	5
1:A:67:GLN:O	1:A:70:PHE:CE2	1.23	1.92	17	3
1:A:18:PHE:CE1	1:A:20:HIS:NE2	1.23	2.06	8	1
1:A:70:PHE:O	1:A:70:PHE:CD1	1.22	1.92	9	2
1:A:66:VAL:CG1	1:A:71:GLY:O	1.22	1.87	8	15
1:A:27:LYS:CB	1:A:33:TRP:O	1.22	1.87	19	10
1:A:66:VAL:HG11	1:A:71:GLY:O	1.22	1.25	13	13
1:A:88:GLU:CB	1:A:100:PHE:CZ	1.22	2.23	11	9
1:A:70:PHE:CD1	1:A:70:PHE:O	1.22	1.92	2	5
1:A:48:ALA:O	1:A:51:THR:HG22	1.22	1.27	7	1
1:A:38:HIS:O	1:A:92:VAL:HG11	1.22	1.35	6	5
1:A:64:GLU:CB	1:A:77:TRP:CE3	1.22	2.23	5	3
1:A:66:VAL:CG2	1:A:71:GLY:O	1.22	1.88	14	15
1:A:92:VAL:C	1:A:96:LEU:CD1	1.22	2.08	4	6
1:A:41:LYS:NZ	1:A:54:LEU:CD1	1.22	2.01	9	2
1:A:15:VAL:CG1	1:A:27:LYS:O	1.21	1.88	5	13
1:A:62:THR:OG1	1:A:79:PRO:CG	1.21	1.88	1	2
1:A:66:VAL:CG1	1:A:70:PHE:O	1.21	1.89	18	3
1:A:26:MET:O	1:A:74:GLN:CG	1.21	1.88	7	11
1:A:66:VAL:CB	1:A:71:GLY:O	1.21	1.88	7	19
1:A:80:LEU:O	1:A:84:LYS:CD	1.21	1.89	18	3
1:A:41:LYS:CE	1:A:46:ALA:HB2	1.21	1.65	4	2
1:A:15:VAL:CB	1:A:27:LYS:O	1.21	1.88	16	16
1:A:16:TYR:CG	1:A:18:PHE:CE2	1.21	2.27	3	2
1:A:5:ILE:HD12	1:A:18:PHE:CB	1.21	1.65	3	1
1:A:15:VAL:HG13	1:A:27:LYS:C	1.21	1.55	11	1
1:A:44:ASN:O	1:A:45:PHE:CG	1.20	1.92	17	1
1:A:18:PHE:CZ	1:A:20:HIS:NE2	1.20	2.09	8	1
1:A:58:VAL:HG22	1:A:63:HIS:CA	1.20	1.65	16	7
1:A:45:PHE:O	1:A:50:ARG:CD	1.20	1.89	18	5
1:A:54:LEU:HD13	1:A:55:GLU:N	1.20	1.50	7	1
1:A:6:TYR:CB	1:A:17:GLU:CG	1.20	2.20	9	4
1:A:54:LEU:O	1:A:58:VAL:CG2	1.20	1.88	15	7
1:A:16:TYR:O	1:A:26:MET:CB	1.20	1.88	19	1
1:A:31:ASP:OD2	1:A:33:TRP:CD1	1.20	1.94	6	1
1:A:53:ILE:O	1:A:57:GLU:CB	1.20	1.89	12	16
1:A:117:HIS:CE1	1:A:118:HIS:O	1.20	1.94	4	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:ILE:CD1	1:A:38:HIS:CD2	1.20	2.25	3	5
1:A:28:ARG:HB3	1:A:33:TRP:CD1	1.20	1.72	14	17
1:A:92:VAL:CG1	1:A:96:LEU:CD2	1.20	2.19	19	11
1:A:66:VAL:CG2	1:A:71:GLY:C	1.20	2.08	16	8
1:A:92:VAL:CG1	1:A:96:LEU:HD11	1.20	1.66	12	3
1:A:5:ILE:HA	1:A:18:PHE:CD1	1.20	1.71	4	5
1:A:5:ILE:CA	1:A:18:PHE:CD1	1.20	2.25	4	2
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:CE3	1.19	1.73	5	3
1:A:92:VAL:O	1:A:96:LEU:CD1	1.19	1.89	10	4
1:A:6:TYR:CB	1:A:17:GLU:CD	1.19	2.10	8	2
1:A:92:VAL:CB	1:A:96:LEU:HD21	1.19	1.68	19	11
1:A:54:LEU:CD2	1:A:76:THR:HG21	1.19	1.65	7	3
1:A:35:ASN:CG	1:A:38:HIS:ND1	1.19	1.96	6	2
1:A:40:LEU:C	1:A:44:ASN:ND2	1.19	1.96	10	17
1:A:38:HIS:CE1	1:A:96:LEU:HD21	1.19	1.71	7	1
1:A:31:ASP:CG	1:A:33:TRP:CD1	1.19	2.17	6	1
1:A:19:ILE:O	1:A:19:ILE:CD1	1.19	1.91	12	1
1:A:54:LEU:HD21	1:A:76:THR:CG2	1.18	1.67	7	2
1:A:31:ASP:HB2	1:A:33:TRP:CZ2	1.18	1.73	14	13
1:A:25:ILE:HG12	1:A:38:HIS:CD2	1.18	1.73	11	4
1:A:58:VAL:HG13	1:A:63:HIS:CG	1.17	1.74	7	7
1:A:41:LYS:HZ1	1:A:54:LEU:CD1	1.17	1.53	9	2
1:A:11:SER:OG	1:A:70:PHE:CG	1.17	1.97	12	1
1:A:18:PHE:O	1:A:25:ILE:N	1.17	1.77	3	19
1:A:58:VAL:C	1:A:63:HIS:CB	1.17	2.13	4	3
1:A:32:ASP:OD2	1:A:80:LEU:CD2	1.17	1.93	5	1
1:A:16:TYR:HB3	1:A:18:PHE:CZ	1.17	1.72	19	3
1:A:80:LEU:HD23	1:A:81:ASN:N	1.17	1.53	13	5
1:A:54:LEU:CD1	1:A:58:VAL:HG21	1.17	1.69	11	1
1:A:31:ASP:HB3	1:A:33:TRP:CE2	1.17	1.75	14	15
1:A:44:ASN:O	1:A:50:ARG:NE	1.17	1.78	14	2
1:A:25:ILE:CD1	1:A:38:HIS:CG	1.17	2.26	17	9
1:A:5:ILE:HG13	1:A:18:PHE:CD2	1.17	1.75	3	4
1:A:16:TYR:CD1	1:A:27:LYS:CG	1.17	2.28	4	1
1:A:74:GLN:OE1	1:A:77:TRP:CD2	1.17	1.96	4	4
1:A:74:GLN:OE1	1:A:77:TRP:CE3	1.17	1.97	3	4
1:A:58:VAL:CG1	1:A:63:HIS:CG	1.17	2.28	19	2
1:A:92:VAL:CG1	1:A:96:LEU:CD1	1.17	2.23	7	3
1:A:37:THR:HG22	1:A:41:LYS:CD	1.17	1.70	2	4
1:A:25:ILE:HG13	1:A:38:HIS:CD2	1.17	1.72	6	2
1:A:19:ILE:HD13	1:A:19:ILE:O	1.17	0.94	12	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:ALA:HB2	1:A:17:GLU:OE2	1.17	1.39	7	6
1:A:62:THR:OG1	1:A:79:PRO:CD	1.16	1.91	1	3
1:A:32:ASP:OD2	1:A:80:LEU:HD22	1.16	1.37	5	2
1:A:16:TYR:HB2	1:A:18:PHE:CZ	1.16	1.75	4	7
1:A:31:ASP:OD2	1:A:33:TRP:NE1	1.16	1.79	6	1
1:A:31:ASP:HB3	1:A:33:TRP:CZ2	1.16	1.76	4	5
1:A:31:ASP:HB2	1:A:33:TRP:CH2	1.16	1.76	5	3
1:A:6:TYR:CG	1:A:17:GLU:O	1.16	1.99	14	2
1:A:50:ARG:CD	1:A:54:LEU:CD1	1.16	2.23	4	3
1:A:31:ASP:OD2	1:A:33:TRP:CE2	1.16	1.98	6	2
1:A:5:ILE:HG23	1:A:18:PHE:CZ	1.16	1.74	15	2
1:A:8:ALA:CB	1:A:26:MET:HE3	1.16	1.71	6	2
1:A:66:VAL:HG13	1:A:77:TRP:CE2	1.16	1.75	9	2
1:A:15:VAL:CA	1:A:27:LYS:O	1.16	1.94	16	11
1:A:88:GLU:HB2	1:A:100:PHE:CZ	1.16	1.73	11	7
1:A:39:ILE:HG23	1:A:87:ALA:CB	1.16	1.71	7	10
1:A:40:LEU:O	1:A:44:ASN:ND2	1.16	1.78	11	18
1:A:31:ASP:CB	1:A:33:TRP:NE1	1.16	2.09	10	14
1:A:40:LEU:HD12	1:A:53:ILE:CG2	1.16	1.69	4	2
1:A:25:ILE:HD11	1:A:38:HIS:CG	1.15	1.74	8	6
1:A:44:ASN:OD1	1:A:50:ARG:NE	1.15	1.78	5	3
1:A:8:ALA:N	1:A:15:VAL:O	1.15	1.78	10	9
1:A:64:GLU:HB3	1:A:77:TRP:CH2	1.15	1.73	13	3
1:A:20:HIS:CE1	1:A:96:LEU:CD2	1.15	2.29	5	2
1:A:25:ILE:HG12	1:A:38:HIS:CG	1.15	1.76	6	5
1:A:20:HIS:CD2	1:A:96:LEU:HD23	1.15	1.77	3	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:53:ILE:CG2	1.15	2.24	18	2
1:A:6:TYR:O	1:A:17:GLU:N	1.15	1.79	9	9
1:A:58:VAL:O	1:A:63:HIS:ND1	1.15	1.79	7	2
1:A:20:HIS:NE2	1:A:92:VAL:CG1	1.15	2.09	11	5
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:HB3	1.15	1.75	15	3
1:A:33:TRP:CZ3	1:A:62:THR:CG2	1.15	2.28	7	8
1:A:20:HIS:NE2	1:A:95:GLN:O	1.15	1.80	8	3
1:A:5:ILE:HD12	1:A:18:PHE:CD2	1.15	1.75	13	1
1:A:8:ALA:O	1:A:15:VAL:N	1.14	1.77	4	16
1:A:96:LEU:N	1:A:96:LEU:CD2	1.14	2.01	6	3
1:A:39:ILE:HG23	1:A:87:ALA:HB2	1.14	1.19	8	15
1:A:38:HIS:CE1	1:A:96:LEU:HD22	1.14	1.76	17	3
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:CD1	1.14	1.69	9	6
1:A:66:VAL:CG1	1:A:71:GLY:C	1.14	2.16	5	10
1:A:31:ASP:HB2	1:A:33:TRP:CE2	1.14	1.72	3	10

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:ILE:CG2	1:A:35:ASN:OD1	1.14	1.94	6	4
1:A:18:PHE:CE1	1:A:20:HIS:CD2	1.14	2.35	8	1
1:A:25:ILE:CD1	1:A:38:HIS:CB	1.14	2.25	8	7
1:A:28:ARG:HB2	1:A:33:TRP:CD1	1.14	1.75	5	10
1:A:45:PHE:O	1:A:50:ARG:NE	1.14	1.80	19	4
1:A:66:VAL:CG2	1:A:77:TRP:CZ2	1.14	2.30	5	2
1:A:90:PHE:CD1	1:A:90:PHE:O	1.14	2.00	15	2
1:A:34:VAL:N	1:A:78:VAL:O	1.14	1.80	3	16
1:A:16:TYR:CE2	1:A:27:LYS:HB2	1.14	1.78	3	3
1:A:66:VAL:CG1	1:A:74:GLN:CD	1.14	2.16	1	2
1:A:64:GLU:O	1:A:75:GLY:O	1.13	1.64	6	18
1:A:31:ASP:CB	1:A:33:TRP:CH2	1.13	2.31	16	5
1:A:92:VAL:CG1	1:A:96:LEU:CG	1.13	2.26	11	6
1:A:5:ILE:HG13	1:A:18:PHE:CE2	1.13	1.78	3	3
1:A:99:LEU:HD12	1:A:99:LEU:C	1.13	1.63	19	4
1:A:50:ARG:CD	1:A:54:LEU:HD11	1.13	1.72	4	1
1:A:26:MET:CB	1:A:74:GLN:CD	1.13	2.17	16	10
1:A:32:ASP:CG	1:A:80:LEU:HD22	1.13	1.64	5	1
1:A:66:VAL:O	1:A:67:GLN:NE2	1.13	1.81	12	5
1:A:74:GLN:CD	1:A:74:GLN:N	1.13	1.96	11	4
1:A:8:ALA:HB3	1:A:26:MET:HE3	1.13	1.19	6	1
1:A:26:MET:CE	1:A:73:TYR:CD2	1.13	2.32	12	2
1:A:25:ILE:HD13	1:A:38:HIS:CB	1.13	1.72	16	3
1:A:64:GLU:HB3	1:A:77:TRP:CD2	1.13	1.77	16	4
1:A:58:VAL:CG1	1:A:63:HIS:HB2	1.13	1.74	8	12
1:A:40:LEU:HD23	1:A:44:ASN:ND2	1.12	1.59	14	1
1:A:74:GLN:N	1:A:74:GLN:CD	1.12	2.02	9	5
1:A:42:ALA:O	1:A:95:GLN:NE2	1.13	1.80	10	1
1:A:66:VAL:HG11	1:A:71:GLY:C	1.12	1.63	5	10
1:A:66:VAL:HG13	1:A:70:PHE:O	1.12	1.38	5	2
1:A:20:HIS:CE1	1:A:92:VAL:HG11	1.12	1.77	19	4
1:A:25:ILE:HG23	1:A:35:ASN:CG	1.12	1.64	15	4
1:A:50:ARG:HG3	1:A:54:LEU:CD2	1.12	1.75	5	1
1:A:96:LEU:HD23	1:A:99:LEU:CD2	1.12	1.75	7	1
1:A:92:VAL:CB	1:A:96:LEU:HD11	1.12	1.75	18	11
1:A:92:VAL:HB	1:A:96:LEU:CD2	1.12	1.74	2	12
1:A:58:VAL:CG2	1:A:63:HIS:HB2	1.12	1.75	19	9
1:A:18:PHE:CE1	1:A:25:ILE:O	1.12	2.03	5	3
1:A:6:TYR:HB3	1:A:17:GLU:CG	1.12	1.72	9	4
1:A:54:LEU:C	1:A:54:LEU:HD13	1.12	1.64	7	1
1:A:5:ILE:CG1	1:A:18:PHE:CG	1.12	2.32	3	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:CD	1.12	2.25	3	8
1:A:66:VAL:HG12	1:A:70:PHE:O	1.12	1.42	19	4
1:A:65:LYS:NZ	1:A:67:GLN:NE2	1.12	1.96	7	1
1:A:41:LYS:HE3	1:A:46:ALA:HB2	1.12	1.17	4	1
1:A:20:HIS:HB3	1:A:38:HIS:CD2	1.12	1.78	11	1
1:A:58:VAL:CG1	1:A:63:HIS:HB3	1.11	1.75	5	8
1:A:54:LEU:CD2	1:A:58:VAL:HG21	1.11	1.75	14	2
1:A:40:LEU:O	1:A:44:ASN:CG	1.11	1.88	1	12
1:A:31:ASP:OD2	1:A:33:TRP:CZ2	1.11	2.03	2	7
1:A:88:GLU:CA	1:A:100:PHE:CZ	1.11	2.32	8	3
1:A:6:TYR:CE2	1:A:17:GLU:HB3	1.11	1.72	11	1
1:A:33:TRP:CD1	1:A:33:TRP:N	1.11	2.15	12	12
1:A:64:GLU:CG	1:A:77:TRP:CZ3	1.11	2.33	13	3
1:A:16:TYR:HB3	1:A:18:PHE:CE1	1.11	1.80	19	4
1:A:63:HIS:O	1:A:63:HIS:CD2	1.11	2.03	3	2
1:A:20:HIS:NE2	1:A:92:VAL:HG12	1.11	1.61	16	2
1:A:6:TYR:CB	1:A:17:GLU:HG2	1.11	1.73	9	1
1:A:25:ILE:HG12	1:A:38:HIS:CE1	1.11	1.81	8	3
1:A:18:PHE:CD1	1:A:20:HIS:CE1	1.11	2.38	8	1
1:A:49:LYS:CB	1:A:50:ARG:NH1	1.11	2.13	14	3
1:A:21:SER:O	1:A:41:LYS:NZ	1.11	1.83	1	1
1:A:66:VAL:HG22	1:A:77:TRP:CZ2	1.11	1.79	19	2
1:A:38:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HD11	1.11	1.60	16	2
1:A:28:ARG:HD2	1:A:77:TRP:CZ3	1.11	1.79	15	3
1:A:33:TRP:CE3	1:A:62:THR:CG2	1.11	2.32	3	5
1:A:16:TYR:O	1:A:26:MET:CA	1.11	1.98	19	9
1:A:58:VAL:HG23	1:A:63:HIS:HB2	1.11	1.21	9	1
1:A:80:LEU:HD13	1:A:81:ASN:H	1.11	0.97	9	1
1:A:27:LYS:NZ	1:A:117:HIS:CE1	1.11	2.19	12	1
1:A:34:VAL:CG1	1:A:83:ALA:HB1	1.10	1.76	1	8
1:A:25:ILE:CD1	1:A:38:HIS:HB2	1.10	1.76	14	6
1:A:35:ASN:CG	1:A:74:GLN:O	1.10	1.89	16	8
1:A:87:ALA:HA	1:A:91:SER:CB	1.10	1.76	16	19
1:A:34:VAL:O	1:A:78:VAL:N	1.10	1.84	17	18
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:LYS:CG	1.10	1.76	17	12
1:A:7:SER:C	1:A:17:GLU:OE1	1.10	1.89	9	1
1:A:15:VAL:CG1	1:A:26:MET:HG3	1.10	1.77	11	1
1:A:82:ILE:C	1:A:82:ILE:HD12	1.10	1.66	11	3
1:A:4:GLN:O	1:A:18:PHE:CD1	1.10	2.03	13	4
1:A:31:ASP:CG	1:A:33:TRP:CD2	1.10	2.23	4	1
1:A:5:ILE:HG13	1:A:18:PHE:CG	1.10	1.80	3	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:88:GLU:O	1:A:93:TYR:CB	1.10	2.00	14	7
1:A:24:SER:HB2	1:A:73:TYR:CE1	1.10	1.81	18	3
1:A:58:VAL:CG2	1:A:76:THR:HG22	1.10	1.76	7	1
1:A:59:LEU:N	1:A:63:HIS:CB	1.10	2.15	4	2
1:A:5:ILE:HD12	1:A:18:PHE:HB3	1.10	1.16	3	3
1:A:31:ASP:CG	1:A:33:TRP:NE1	1.10	2.03	6	1
1:A:66:VAL:HG23	1:A:77:TRP:NE1	1.10	1.62	5	1
1:A:50:ARG:HH12	1:A:54:LEU:CB	1.10	1.57	7	1
1:A:25:ILE:HD11	1:A:38:HIS:CD2	1.10	1.80	11	5
1:A:35:ASN:ND2	1:A:74:GLN:O	1.09	1.84	18	11
1:A:5:ILE:CG1	1:A:18:PHE:CD2	1.09	2.33	3	3
1:A:44:ASN:OD1	1:A:50:ARG:CZ	1.09	2.00	5	1
1:A:49:LYS:HB3	1:A:50:ARG:NH1	1.09	1.62	14	5
1:A:70:PHE:O	1:A:70:PHE:CG	1.09	2.05	5	5
1:A:8:ALA:HB2	1:A:17:GLU:CD	1.09	1.67	6	7
1:A:14:ASP:OD1	1:A:15:VAL:N	1.09	1.85	8	5
1:A:62:THR:CB	1:A:79:PRO:HD3	1.09	1.76	4	3
1:A:42:ALA:HB3	1:A:92:VAL:HG21	1.09	1.24	8	3
1:A:92:VAL:HB	1:A:96:LEU:HD23	1.09	1.16	2	2
1:A:9:ARG:HG2	1:A:14:ASP:CA	1.09	1.76	2	1
1:A:58:VAL:CB	1:A:63:HIS:HB3	1.09	1.76	5	11
1:A:92:VAL:CB	1:A:96:LEU:CD2	1.09	2.31	2	11
1:A:87:ALA:HB1	1:A:92:VAL:HG23	1.09	1.20	17	9
1:A:16:TYR:CB	1:A:18:PHE:CZ	1.09	2.34	19	5
1:A:92:VAL:HG12	1:A:96:LEU:HD23	1.09	1.21	19	1
1:A:16:TYR:CD1	1:A:16:TYR:O	1.09	2.04	3	2
1:A:72:LYS:HE3	1:A:73:TYR:CZ	1.09	1.81	11	1
1:A:14:ASP:OD2	1:A:29:LYS:CE	1.09	2.01	8	2
1:A:26:MET:CB	1:A:74:GLN:CG	1.09	2.31	8	9
1:A:92:VAL:C	1:A:96:LEU:HD11	1.09	1.66	1	5
1:A:34:VAL:CG1	1:A:78:VAL:HG23	1.09	1.77	1	4
1:A:34:VAL:HG11	1:A:83:ALA:HB1	1.09	1.17	1	4
1:A:61:GLU:O	1:A:62:THR:OG1	1.09	1.71	4	1
1:A:16:TYR:CZ	1:A:27:LYS:HE3	1.09	1.82	4	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:92:VAL:HG11	1.09	1.81	14	4
1:A:38:HIS:O	1:A:42:ALA:CB	1.09	2.01	6	19
1:A:67:GLN:O	1:A:70:PHE:CD2	1.09	2.03	2	6
1:A:58:VAL:HB	1:A:63:HIS:CB	1.09	1.78	11	9
1:A:28:ARG:CD	1:A:77:TRP:CZ3	1.09	2.35	15	4
1:A:18:PHE:CD2	1:A:25:ILE:HB	1.09	1.82	17	6
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:CG	1.09	1.77	16	2

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:59:LEU:HD22	1:A:63:HIS:CE1	1.09	1.82	17	2
1:A:14:ASP:OD1	1:A:29:LYS:CB	1.09	2.00	9	3
1:A:82:ILE:CD1	1:A:83:ALA:N	1.09	2.14	11	2
1:A:38:HIS:NE2	1:A:96:LEU:CD1	1.08	2.15	7	4
1:A:58:VAL:HG22	1:A:63:HIS:HB3	1.08	1.13	17	5
1:A:84:LYS:O	1:A:88:GLU:OE1	1.08	1.71	10	2
1:A:40:LEU:CD1	1:A:44:ASN:OD1	1.08	1.99	11	1
1:A:6:TYR:CE2	1:A:17:GLU:HB2	1.08	1.81	11	1
1:A:31:ASP:OD1	1:A:31:ASP:O	1.08	1.71	6	2
1:A:14:ASP:O	1:A:29:LYS:CB	1.08	2.00	2	10
1:A:31:ASP:HB2	1:A:33:TRP:NE1	1.08	1.63	3	11
1:A:50:ARG:HD2	1:A:54:LEU:HD11	1.08	1.18	4	1
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:HB2	1.08	1.83	8	6
1:A:93:TYR:CA	1:A:96:LEU:HD11	1.08	1.79	10	1
1:A:28:ARG:CB	1:A:33:TRP:CE2	1.08	2.35	12	1
1:A:26:MET:CB	1:A:74:GLN:HG2	1.08	1.78	13	6
1:A:66:VAL:CG2	1:A:70:PHE:O	1.08	2.00	8	3
1:A:66:VAL:CG1	1:A:72:LYS:HA	1.08	1.79	8	4
1:A:58:VAL:CG2	1:A:63:HIS:HB3	1.08	1.78	13	7
1:A:16:TYR:CG	1:A:27:LYS:HE2	1.08	1.84	4	1
1:A:59:LEU:CA	1:A:63:HIS:HB3	1.08	1.79	4	1
1:A:28:ARG:HD3	1:A:33:TRP:CD2	1.08	1.82	6	1
1:A:92:VAL:HB	1:A:96:LEU:CD1	1.08	1.79	9	11
1:A:64:GLU:CB	1:A:77:TRP:CZ3	1.08	2.36	13	3
1:A:66:VAL:CG2	1:A:75:GLY:HA2	1.07	1.79	3	4
1:A:20:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HD23	1.07	1.64	3	1
1:A:99:LEU:C	1:A:99:LEU:CD2	1.07	2.17	18	2
1:A:40:LEU:CD1	1:A:53:ILE:CG2	1.07	2.33	4	4
1:A:50:ARG:CG	1:A:54:LEU:CD2	1.07	2.32	5	1
1:A:88:GLU:HA	1:A:100:PHE:CE2	1.07	1.84	8	7
1:A:92:VAL:HG12	1:A:95:GLN:CB	1.07	1.78	3	5
1:A:33:TRP:CE3	1:A:64:GLU:OE2	1.07	2.06	9	1
1:A:16:TYR:CB	1:A:27:LYS:CG	1.07	2.33	16	1
1:A:66:VAL:CG2	1:A:72:LYS:HA	1.07	1.80	11	9
1:A:50:ARG:HH12	1:A:54:LEU:HB2	1.07	1.06	7	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:95:GLN:HB3	1.07	1.84	11	5
1:A:99:LEU:CD1	1:A:99:LEU:O	1.07	2.02	15	1
1:A:54:LEU:O	1:A:58:VAL:CG1	1.07	2.01	9	2
1:A:92:VAL:HB	1:A:96:LEU:CG	1.07	1.78	9	13
1:A:4:GLN:OE1	1:A:6:TYR:OH	1.07	1.72	1	1
1:A:28:ARG:CZ	1:A:77:TRP:CG	1.07	2.38	5	1

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:80:LEU:HD13	1:A:81:ASN:N	1.07	1.65	9	3
1:A:5:ILE:HG12	1:A:18:PHE:CG	1.07	1.85	4	2
1:A:50:ARG:HD3	1:A:54:LEU:CD1	1.07	1.80	17	3
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:HD2	1.07	1.79	12	3
1:A:74:GLN:CD	1:A:75:GLY:N	1.07	2.07	15	1
1:A:44:ASN:O	1:A:50:ARG:CZ	1.07	2.03	19	2
1:A:31:ASP:HB3	1:A:33:TRP:NE1	1.07	1.65	1	11
1:A:66:VAL:HG21	1:A:71:GLY:CA	1.07	1.77	16	3
1:A:14:ASP:HB2	1:A:29:LYS:CE	1.07	1.80	18	1
1:A:92:VAL:HG13	1:A:96:LEU:CD1	1.07	1.79	12	1
1:A:39:ILE:O	1:A:91:SER:OG	1.06	1.72	9	5
1:A:22:THR:HG23	1:A:38:HIS:CE1	1.06	1.85	11	1
1:A:81:ASN:O	1:A:85:GLN:OE1	1.06	1.70	18	1
1:A:31:ASP:HB3	1:A:33:TRP:CD2	1.06	1.85	16	6
1:A:21:SER:CB	1:A:42:ALA:HA	1.06	1.79	1	18
1:A:92:VAL:O	1:A:96:LEU:CG	1.06	2.03	10	7
1:A:50:ARG:NH1	1:A:54:LEU:HB2	1.06	1.65	7	1
1:A:50:ARG:HD2	1:A:54:LEU:HD13	1.06	1.14	3	1
1:A:16:TYR:HB2	1:A:18:PHE:CE1	1.06	1.85	10	5
1:A:13:VAL:CG2	1:A:28:ARG:HH12	1.06	1.63	9	1
1:A:54:LEU:CD1	1:A:58:VAL:CG2	1.06	2.32	11	1
1:A:53:ILE:HG22	1:A:54:LEU:HD23	1.06	1.12	18	1
1:A:25:ILE:HD11	1:A:38:HIS:HB2	1.06	1.26	14	5
1:A:19:ILE:HA	1:A:23:GLY:O	1.06	1.50	15	19
1:A:18:PHE:CE2	1:A:25:ILE:O	1.06	2.08	19	2
1:A:66:VAL:HG11	1:A:71:GLY:HA3	1.06	1.26	18	7
1:A:5:ILE:CD1	1:A:99:LEU:HB2	1.06	1.80	13	2
1:A:25:ILE:N	1:A:25:ILE:HD13	1.06	1.62	4	2
1:A:74:GLN:OE1	1:A:75:GLY:N	1.06	1.89	15	1
1:A:6:TYR:CD2	1:A:17:GLU:CB	1.06	2.38	11	1
1:A:28:ARG:HB3	1:A:33:TRP:NE1	1.06	1.64	18	7
1:A:8:ALA:O	1:A:15:VAL:O	1.06	1.72	17	11
1:A:54:LEU:HD11	1:A:76:THR:HG21	1.06	1.12	1	2
1:A:20:HIS:HB2	1:A:25:ILE:HD11	1.06	1.22	13	6
1:A:66:VAL:HG23	1:A:77:TRP:CE2	1.06	1.84	5	1
1:A:92:VAL:HG11	1:A:96:LEU:HD21	1.06	1.22	11	5
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:CE	1.06	2.33	2	5
1:A:50:ARG:HD3	1:A:54:LEU:HD12	1.06	1.19	17	2
1:A:25:ILE:CG2	1:A:35:ASN:HB3	1.06	1.81	16	1
1:A:20:HIS:CB	1:A:25:ILE:HD11	1.05	1.79	1	7
1:A:40:LEU:O	1:A:44:ASN:OD1	1.05	1.74	1	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:87:ALA:CA	1:A:91:SER:OG	1.05	2.03	10	4
1:A:5:ILE:CD1	1:A:99:LEU:HA	1.05	1.81	15	3
1:A:88:GLU:HA	1:A:100:PHE:CZ	1.05	1.86	8	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:96:LEU:HA	1.05	1.86	18	6
1:A:20:HIS:CE1	1:A:92:VAL:CG1	1.05	2.39	4	5
1:A:20:HIS:CE1	1:A:95:GLN:CB	1.05	2.39	16	4
1:A:80:LEU:HD23	1:A:81:ASN:H	1.05	1.03	12	2
1:A:62:THR:HB	1:A:79:PRO:CG	1.05	1.80	16	2
1:A:99:LEU:O	1:A:99:LEU:HD23	1.05	1.51	5	2
1:A:34:VAL:HG11	1:A:39:ILE:HD11	1.05	1.12	9	7
1:A:6:TYR:CD2	1:A:17:GLU:HB3	1.05	1.87	11	1
1:A:53:ILE:O	1:A:57:GLU:CG	1.05	2.04	8	2
1:A:26:MET:HB2	1:A:74:GLN:NE2	1.05	1.66	6	7
1:A:33:TRP:HA	1:A:78:VAL:O	1.05	1.52	11	18
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:HG3	1.05	1.85	16	2
1:A:13:VAL:CG2	1:A:28:ARG:NH1	1.05	2.17	9	1
1:A:73:TYR:C	1:A:74:GLN:OE1	1.04	1.96	19	7
1:A:59:LEU:HA	1:A:63:HIS:CD2	1.04	1.87	3	5
1:A:42:ALA:CB	1:A:92:VAL:HG21	1.04	1.81	19	7
1:A:35:ASN:OD1	1:A:74:GLN:O	1.04	1.75	16	2
1:A:36:ALA:HB3	1:A:54:LEU:HD21	1.04	1.28	13	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:96:LEU:HD21	1.04	1.86	11	1
1:A:16:TYR:CB	1:A:27:LYS:HG2	1.04	1.82	16	1
1:A:5:ILE:HD11	1:A:99:LEU:HA	1.04	1.26	15	4
1:A:92:VAL:CG1	1:A:96:LEU:HG	1.04	1.82	11	5
1:A:72:LYS:C	1:A:72:LYS:CD	1.04	2.25	7	14
1:A:66:VAL:HG22	1:A:77:TRP:CE2	1.04	1.85	19	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:53:ILE:HG21	1.04	1.80	4	2
1:A:61:GLU:OE1	1:A:82:ILE:CD1	1.04	2.06	3	3
1:A:72:LYS:HD2	1:A:73:TYR:CD1	1.04	1.86	15	4
1:A:40:LEU:HD22	1:A:53:ILE:CD1	1.04	1.82	10	1
1:A:15:VAL:HG11	1:A:26:MET:HG3	1.04	1.15	11	1
1:A:88:GLU:HB2	1:A:100:PHE:CE2	1.04	1.87	5	11
1:A:71:GLY:CA	1:A:74:GLN:OE1	1.04	2.06	13	4
1:A:57:GLU:OE2	1:A:86:LEU:HD21	1.04	1.50	2	2
1:A:96:LEU:HD11	1:A:100:PHE:CE2	1.04	1.87	2	1
1:A:87:ALA:HB1	1:A:92:VAL:HG22	1.04	1.17	4	4
1:A:16:TYR:CE1	1:A:27:LYS:HE3	1.04	1.87	4	1
1:A:34:VAL:O	1:A:77:TRP:HA	1.04	1.53	9	18
1:A:58:VAL:HG13	1:A:63:HIS:HB3	1.04	1.18	19	6
1:A:20:HIS:CE1	1:A:96:LEU:CD1	1.04	2.41	7	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:36:ALA:HA	1:A:39:ILE:CG2	1.04	1.82	13	1
1:A:57:GLU:CD	1:A:86:LEU:CD2	1.04	2.26	15	2
1:A:117:HIS:NE2	1:A:118:HIS:CE1	1.04	2.25	4	1
1:A:55:GLU:O	1:A:59:LEU:HB3	1.04	1.52	6	19
1:A:25:ILE:CD1	1:A:38:HIS:ND1	1.04	2.20	17	5
1:A:66:VAL:HG23	1:A:72:LYS:HA	1.04	1.18	7	5
1:A:5:ILE:CD1	1:A:18:PHE:CD2	1.04	2.41	3	2
1:A:5:ILE:HG13	1:A:18:PHE:CD1	1.04	1.88	3	3
1:A:16:TYR:CD1	1:A:27:LYS:HG3	1.04	1.87	4	1
1:A:5:ILE:HG13	1:A:18:PHE:CZ	1.04	1.86	3	1
1:A:13:VAL:HG13	1:A:29:LYS:HB3	1.04	1.09	6	1
1:A:66:VAL:HG22	1:A:70:PHE:O	1.04	1.50	8	1
1:A:93:TYR:CE1	1:A:94:ASP:OD1	1.04	2.10	12	1
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:CB	1.03	2.36	4	19
1:A:34:VAL:HG12	1:A:78:VAL:HG23	1.03	1.25	1	6
1:A:14:ASP:O	1:A:29:LYS:CG	1.03	2.06	8	5
1:A:36:ALA:HB2	1:A:58:VAL:CG1	1.03	1.83	4	1
1:A:41:LYS:HZ2	1:A:54:LEU:CB	1.03	1.65	15	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:54:LEU:HB2	1.03	1.68	15	2
1:A:40:LEU:CD2	1:A:53:ILE:CD1	1.03	2.35	10	1
1:A:86:LEU:O	1:A:86:LEU:HD12	1.03	1.52	11	2
1:A:58:VAL:HG23	1:A:63:HIS:CD2	1.03	1.88	18	1
1:A:18:PHE:CZ	1:A:20:HIS:CE1	1.03	2.44	8	1
1:A:74:GLN:OE1	1:A:77:TRP:CZ3	1.03	2.11	3	4
1:A:28:ARG:CZ	1:A:77:TRP:CD1	1.03	2.41	5	1
1:A:54:LEU:HD22	1:A:58:VAL:HB	1.03	1.29	7	1
1:A:99:LEU:HD23	1:A:99:LEU:O	1.03	1.52	3	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:39:ILE:HD12	1.03	1.84	16	2
1:A:14:ASP:HB2	1:A:29:LYS:CD	1.03	1.83	18	2
1:A:37:THR:HG22	1:A:41:LYS:HG2	1.03	1.20	13	9
1:A:50:ARG:CG	1:A:54:LEU:HD21	1.03	1.82	5	1
1:A:6:TYR:HB3	1:A:17:GLU:CD	1.03	1.71	8	4
1:A:38:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HG	1.03	1.61	7	1
1:A:66:VAL:HG22	1:A:75:GLY:HA2	1.03	1.20	2	6
1:A:13:VAL:HG11	1:A:28:ARG:NH1	1.03	1.68	13	2
1:A:16:TYR:CZ	1:A:18:PHE:CE2	1.03	2.47	15	2
1:A:50:ARG:NH2	1:A:53:ILE:HB	1.03	1.68	8	1
1:A:28:ARG:HG3	1:A:33:TRP:CZ2	1.03	1.87	12	1
1:A:20:HIS:NE2	1:A:99:LEU:HB2	1.03	1.68	9	2
1:A:66:VAL:CG1	1:A:71:GLY:HA3	1.03	1.84	19	5
1:A:71:GLY:HA2	1:A:74:GLN:NE2	1.03	1.67	7	8

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:45:PHE:O	1:A:50:ARG:HD3	1.03	1.53	18	3
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:LYS:CE	1.03	1.82	17	1
1:A:37:THR:CA	1:A:41:LYS:HB3	1.03	1.83	17	13
1:A:58:VAL:C	1:A:63:HIS:HB3	1.03	1.74	4	7
1:A:92:VAL:HB	1:A:96:LEU:HD21	1.03	1.28	17	9
1:A:6:TYR:O	1:A:18:PHE:CE1	1.03	2.12	4	2
1:A:57:GLU:O	1:A:61:GLU:CG	1.03	2.06	4	2
1:A:58:VAL:C	1:A:63:HIS:HB2	1.03	1.74	4	1
1:A:55:GLU:CD	1:A:55:GLU:C	1.03	2.18	10	2
1:A:44:ASN:O	1:A:45:PHE:O	1.02	1.76	8	15
1:A:38:HIS:O	1:A:92:VAL:CG1	1.02	2.07	6	6
1:A:27:LYS:CG	1:A:33:TRP:O	1.02	2.07	10	8
1:A:27:LYS:HB3	1:A:33:TRP:O	1.02	1.54	16	5
1:A:20:HIS:NE2	1:A:95:GLN:C	1.02	2.12	7	2
1:A:66:VAL:HG22	1:A:75:GLY:CA	1.02	1.83	3	6
1:A:66:VAL:HG13	1:A:77:TRP:CZ2	1.02	1.89	9	4
1:A:25:ILE:HG12	1:A:38:HIS:ND1	1.02	1.67	8	4
1:A:53:ILE:HG22	1:A:54:LEU:CD2	1.02	1.82	18	1
1:A:16:TYR:CG	1:A:27:LYS:CG	1.02	2.42	16	1
1:A:54:LEU:CD2	1:A:58:VAL:CG2	1.02	2.35	14	2
1:A:88:GLU:O	1:A:93:TYR:HB2	1.02	1.54	14	15
1:A:66:VAL:CG2	1:A:77:TRP:CE2	1.02	2.42	5	2
1:A:34:VAL:CG1	1:A:39:ILE:HD13	1.02	1.83	9	9
1:A:17:GLU:HB3	1:A:26:MET:SD	1.02	1.93	19	2
1:A:58:VAL:CG1	1:A:63:HIS:ND1	1.02	2.22	19	1
1:A:39:ILE:HG22	1:A:40:LEU:HD13	1.02	1.23	7	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:96:LEU:CD2	1.02	2.42	3	2
1:A:10:TYR:O	1:A:13:VAL:HG23	1.02	1.53	17	1
1:A:58:VAL:HG22	1:A:63:HIS:HB2	1.02	1.27	16	2
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:CD	1.02	2.27	8	1
1:A:96:LEU:CD2	1:A:96:LEU:N	1.02	2.14	8	6
1:A:26:MET:O	1:A:74:GLN:HG3	1.02	1.52	11	7
1:A:73:TYR:CB	1:A:74:GLN:OE1	1.02	2.08	7	7
1:A:59:LEU:HA	1:A:63:HIS:CE1	1.02	1.89	1	3
1:A:58:VAL:HG22	1:A:63:HIS:HA	1.02	1.26	16	4
1:A:20:HIS:CG	1:A:25:ILE:CD1	1.02	2.43	12	4
1:A:44:ASN:ND2	1:A:50:ARG:CZ	1.02	2.22	5	3
1:A:13:VAL:HG13	1:A:30:LYS:HE2	1.02	1.23	13	2
1:A:66:VAL:O	1:A:67:GLN:CD	1.02	1.98	7	3
1:A:24:SER:HB3	1:A:73:TYR:CD1	1.02	1.89	18	4
1:A:63:HIS:CD2	1:A:76:THR:HG21	1.02	1.74	8	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:TYR:C	1:A:16:TYR:CD1	1.02	2.30	3	2
1:A:74:GLN:HG3	1:A:77:TRP:CG	1.02	1.90	12	1
1:A:64:GLU:CD	1:A:77:TRP:CZ3	1.02	2.33	14	2
1:A:66:VAL:CB	1:A:71:GLY:C	1.02	2.27	12	16
1:A:97:LYS:O	1:A:101:ASP:OD2	1.02	1.78	9	9
1:A:36:ALA:HB2	1:A:58:VAL:HG11	1.02	1.30	4	2
1:A:28:ARG:HD3	1:A:77:TRP:CH2	1.02	1.88	9	2
1:A:92:VAL:CB	1:A:96:LEU:CD1	1.02	2.37	7	8
1:A:34:VAL:CG1	1:A:83:ALA:CB	1.02	2.36	6	5
1:A:26:MET:SD	1:A:71:GLY:HA2	1.02	1.94	11	5
1:A:13:VAL:CG1	1:A:30:LYS:HG2	1.02	1.84	9	2
1:A:39:ILE:CG1	1:A:87:ALA:CB	1.02	2.37	6	11
1:A:72:LYS:NZ	1:A:73:TYR:CD1	1.02	2.28	4	1
1:A:14:ASP:O	1:A:29:LYS:HG2	1.02	1.55	8	3
1:A:47:LYS:HB2	1:A:47:LYS:NZ	1.02	1.68	16	1
1:A:55:GLU:O	1:A:59:LEU:HB2	1.01	1.54	17	19
1:A:38:HIS:CD2	1:A:38:HIS:C	1.01	2.34	4	6
1:A:39:ILE:HG22	1:A:40:LEU:HD23	1.01	1.13	17	4
1:A:20:HIS:NE2	1:A:95:GLN:HB3	1.01	1.67	16	4
1:A:26:MET:O	1:A:74:GLN:HB3	1.01	1.55	16	5
1:A:5:ILE:C	1:A:18:PHE:CD1	1.01	2.33	4	2
1:A:16:TYR:CD1	1:A:27:LYS:CE	1.01	2.43	4	1
1:A:54:LEU:HD12	1:A:58:VAL:HG21	1.01	1.23	11	1
1:A:6:TYR:HB2	1:A:17:GLU:CD	1.01	1.73	8	2
1:A:4:GLN:O	1:A:18:PHE:CD2	1.01	2.12	14	2
1:A:16:TYR:O	1:A:26:MET:HA	1.01	1.56	16	19
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:LYS:CB	1.01	1.83	4	19
1:A:16:TYR:O	1:A:26:MET:CG	1.01	2.07	19	2
1:A:26:MET:HB2	1:A:74:GLN:CG	1.01	1.83	13	7
1:A:13:VAL:HG21	1:A:30:LYS:CG	1.01	1.85	2	2
1:A:5:ILE:HG13	1:A:18:PHE:CE1	1.01	1.90	3	2
1:A:62:THR:HG21	1:A:79:PRO:HD3	1.01	1.32	3	2
1:A:99:LEU:C	1:A:99:LEU:HD12	1.01	1.70	15	2
1:A:31:ASP:O	1:A:32:ASP:OD1	1.01	1.74	7	2
1:A:8:ALA:CB	1:A:17:GLU:OE2	1.01	2.08	18	2
1:A:92:VAL:HG22	1:A:95:GLN:HB2	1.01	1.31	12	2
1:A:9:ARG:CG	1:A:14:ASP:CA	1.01	2.37	2	2
1:A:18:PHE:HB3	1:A:99:LEU:HD21	1.01	1.22	10	1
1:A:50:ARG:CZ	1:A:53:ILE:HG12	1.01	1.86	10	1
1:A:96:LEU:CD1	1:A:100:PHE:CE2	1.01	2.44	2	2
1:A:24:SER:CB	1:A:73:TYR:CE1	1.01	2.43	18	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:65:LYS:O	1:A:67:GLN:NE2	1.01	1.94	8	4
1:A:92:VAL:HG13	1:A:96:LEU:HD11	1.01	1.24	12	1
1:A:26:MET:HB2	1:A:74:GLN:CD	1.01	1.75	7	8
1:A:17:GLU:HA	1:A:25:ILE:O	1.01	1.56	3	16
1:A:14:ASP:HB3	1:A:29:LYS:CB	1.01	1.85	14	3
1:A:66:VAL:HG21	1:A:72:LYS:HA	1.01	1.32	1	1
1:A:41:LYS:HA	1:A:44:ASN:ND2	1.01	1.68	1	6
1:A:36:ALA:N	1:A:76:THR:O	1.01	1.94	16	15
1:A:8:ALA:HB1	1:A:10:TYR:CE1	1.01	1.89	5	3
1:A:20:HIS:CE1	1:A:96:LEU:HD12	1.01	1.90	7	1
1:A:20:HIS:NE2	1:A:92:VAL:HG13	1.01	1.67	11	2
1:A:50:ARG:HD3	1:A:50:ARG:C	1.01	1.76	6	2
1:A:57:GLU:CD	1:A:57:GLU:C	1.01	2.18	9	2
1:A:27:LYS:NZ	1:A:80:LEU:HB2	1.01	1.71	18	2
1:A:25:ILE:CG1	1:A:35:ASN:OD1	1.01	2.07	6	1
1:A:50:ARG:O	1:A:54:LEU:HB2	1.00	1.54	14	17
1:A:72:LYS:HD2	1:A:73:TYR:N	1.00	1.71	5	11
1:A:54:LEU:CD1	1:A:55:GLU:N	1.00	2.22	7	1
1:A:6:TYR:CE2	1:A:17:GLU:O	1.00	2.15	15	2
1:A:31:ASP:O	1:A:31:ASP:OD1	1.00	1.78	4	1
1:A:6:TYR:HB2	1:A:17:GLU:CG	1.00	1.86	8	4
1:A:6:TYR:CZ	1:A:17:GLU:HB2	1.00	1.91	11	1
1:A:26:MET:O	1:A:74:GLN:HG2	1.00	1.56	17	12
1:A:49:LYS:CE	1:A:53:ILE:HG12	1.00	1.84	1	1
1:A:66:VAL:HG11	1:A:74:GLN:CD	1.00	1.72	1	3
1:A:18:PHE:CD1	1:A:18:PHE:N	1.00	2.27	12	3
1:A:39:ILE:HD13	1:A:40:LEU:HD23	1.00	1.34	13	1
1:A:5:ILE:HG23	1:A:18:PHE:CE1	1.00	1.90	4	4
1:A:5:ILE:HG13	1:A:99:LEU:HD23	1.00	1.33	4	1
1:A:14:ASP:C	1:A:29:LYS:HG3	1.00	1.76	15	4
1:A:27:LYS:HG3	1:A:33:TRP:N	1.00	1.71	9	2
1:A:41:LYS:CE	1:A:54:LEU:CD1	1.00	2.37	9	2
1:A:86:LEU:HD23	1:A:86:LEU:O	1.00	1.57	16	1
1:A:64:GLU:CB	1:A:77:TRP:NE1	1.00	2.25	19	8
1:A:53:ILE:O	1:A:57:GLU:HB2	1.00	1.53	12	12
1:A:61:GLU:O	1:A:63:HIS:N	1.00	1.93	16	2
1:A:44:ASN:ND2	1:A:50:ARG:HD3	1.00	1.72	11	3
1:A:59:LEU:N	1:A:63:HIS:HB3	1.00	1.69	4	2
1:A:74:GLN:HG2	1:A:77:TRP:CE3	1.00	1.91	15	1
1:A:41:LYS:CD	1:A:54:LEU:CD1	1.00	2.38	6	1
1:A:51:THR:O	1:A:55:GLU:HB2	1.00	1.56	8	12

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:HIS:CE1	1:A:39:ILE:HD11	1.00	1.87	16	2
1:A:96:LEU:HB2	1:A:100:PHE:CD2	1.00	1.91	6	4
1:A:39:ILE:HA	1:A:92:VAL:HG21	1.00	1.32	14	9
1:A:14:ASP:O	1:A:29:LYS:HB2	1.00	1.54	2	12
1:A:38:HIS:ND1	1:A:39:ILE:HD12	1.00	1.70	1	5
1:A:41:LYS:N	1:A:41:LYS:HE2	1.00	1.70	6	1
1:A:92:VAL:HB	1:A:96:LEU:HD11	1.00	1.30	5	7
1:A:44:ASN:OD1	1:A:50:ARG:NH2	1.00	1.94	5	1
1:A:55:GLU:CG	1:A:59:LEU:HD12	1.00	1.86	3	1
1:A:31:ASP:OD2	1:A:33:TRP:CE3	0.99	2.14	4	1
1:A:28:ARG:HD3	1:A:33:TRP:CE3	0.99	1.90	6	1
1:A:28:ARG:HG2	1:A:33:TRP:CE2	0.99	1.92	17	1
1:A:37:THR:HG22	1:A:41:LYS:CG	0.99	1.86	16	10
1:A:33:TRP:HE3	1:A:62:THR:HG21	0.99	0.88	3	2
1:A:33:TRP:CA	1:A:78:VAL:O	0.99	2.10	9	17
1:A:70:PHE:CG	1:A:70:PHE:O	0.99	2.15	9	2
1:A:26:MET:SD	1:A:73:TYR:HB2	0.99	1.97	16	5
1:A:62:THR:HG23	1:A:62:THR:O	0.99	1.58	14	1
1:A:18:PHE:CE1	1:A:19:ILE:O	0.99	2.14	8	4
1:A:16:TYR:CE1	1:A:27:LYS:HG3	0.99	1.91	4	1
1:A:40:LEU:HD11	1:A:57:GLU:OE1	0.99	1.55	18	1
1:A:34:VAL:C	1:A:77:TRP:HA	0.99	1.77	17	16
1:A:9:ARG:CB	1:A:14:ASP:HA	0.99	1.86	2	7
1:A:88:GLU:HB3	1:A:100:PHE:CZ	0.99	1.91	11	3
1:A:72:LYS:HE3	1:A:73:TYR:CE2	0.99	1.92	11	1
1:A:15:VAL:HG23	1:A:27:LYS:N	0.99	1.72	8	2
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:HD3	0.99	1.78	8	1
1:A:45:PHE:O	1:A:50:ARG:HG2	0.99	1.58	14	3
1:A:84:LYS:O	1:A:88:GLU:HB3	0.99	1.56	18	19
1:A:26:MET:HB3	1:A:74:GLN:CD	0.99	1.72	16	5
1:A:72:LYS:HD2	1:A:72:LYS:C	0.99	1.77	19	4
1:A:9:ARG:O	1:A:10:TYR:CD1	0.99	2.15	9	9
1:A:20:HIS:N	1:A:23:GLY:O	0.99	1.95	19	19
1:A:9:ARG:HG2	1:A:14:ASP:N	0.99	1.71	2	1
1:A:18:PHE:CB	1:A:99:LEU:HD21	0.99	1.85	10	1
1:A:6:TYR:HB2	1:A:17:GLU:OE1	0.99	1.58	8	1
1:A:58:VAL:CB	1:A:63:HIS:CB	0.99	2.40	7	11
1:A:92:VAL:HG12	1:A:96:LEU:HG	0.99	1.05	1	6
1:A:66:VAL:HB	1:A:71:GLY:O	0.99	1.58	10	8
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:CG	0.99	2.46	16	4
1:A:66:VAL:HG21	1:A:75:GLY:H	0.99	1.16	6	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:ILE:C	1:A:18:PHE:CE1	0.99	2.35	4	2
1:A:117:HIS:O	1:A:117:HIS:ND1	0.99	1.95	11	1
1:A:59:LEU:O	1:A:63:HIS:CE1	0.99	2.16	1	2
1:A:97:LYS:HG2	1:A:98:PRO:CD	0.99	1.87	12	4
1:A:62:THR:CG2	1:A:79:PRO:HD3	0.99	1.86	3	3
1:A:29:LYS:O	1:A:29:LYS:HD3	0.99	1.56	17	2
1:A:117:HIS:ND1	1:A:117:HIS:O	0.98	1.95	19	1
1:A:9:ARG:CA	1:A:14:ASP:HA	0.98	1.86	2	6
1:A:38:HIS:CD2	1:A:96:LEU:CD2	0.98	2.45	9	3
1:A:38:HIS:O	1:A:42:ALA:HB2	0.98	1.57	12	19
1:A:8:ALA:CB	1:A:10:TYR:CE2	0.98	2.46	19	3
1:A:28:ARG:HB3	1:A:33:TRP:CE2	0.98	1.92	12	1
1:A:44:ASN:CG	1:A:50:ARG:CZ	0.98	2.31	5	4
1:A:38:HIS:CE1	1:A:96:LEU:CG	0.98	2.44	7	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:53:ILE:HD11	0.98	1.26	10	1
1:A:58:VAL:HG23	1:A:63:HIS:HB3	0.98	1.25	18	2
1:A:54:LEU:N	1:A:54:LEU:HD23	0.98	1.72	18	1
1:A:85:GLN:O	1:A:89:LYS:HD2	0.98	1.58	17	1
1:A:94:ASP:O	1:A:97:LYS:HG3	0.98	1.59	1	2
1:A:74:GLN:OE1	1:A:77:TRP:CH2	0.98	2.16	1	1
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:NE1	0.98	1.71	19	10
1:A:44:ASN:HB2	1:A:50:ARG:CZ	0.98	1.88	8	6
1:A:44:ASN:OD1	1:A:45:PHE:N	0.98	1.97	7	1
1:A:16:TYR:N	1:A:16:TYR:CD1	0.98	2.30	16	7
1:A:29:LYS:C	1:A:29:LYS:HD3	0.98	1.78	17	3
1:A:93:TYR:C	1:A:93:TYR:CD1	0.98	2.33	2	7
1:A:27:LYS:NZ	1:A:32:ASP:O	0.98	1.97	14	1
1:A:61:GLU:O	1:A:78:VAL:HG12	0.98	1.58	4	2
1:A:39:ILE:HG22	1:A:40:LEU:HD12	0.98	1.28	5	1
1:A:5:ILE:CD1	1:A:18:PHE:CB	0.98	2.36	3	2
1:A:93:TYR:CD2	1:A:94:ASP:OD1	0.98	2.16	15	1
1:A:68:GLY:HA3	1:A:70:PHE:CE1	0.98	1.92	17	1
1:A:64:GLU:HB3	1:A:77:TRP:NE1	0.98	1.71	9	4
1:A:20:HIS:NE2	1:A:92:VAL:HG11	0.98	1.74	15	4
1:A:27:LYS:HZ1	1:A:117:HIS:CE1	0.98	1.73	12	1
1:A:20:HIS:NE2	1:A:96:LEU:CD2	0.98	2.27	3	2
1:A:20:HIS:NE2	1:A:99:LEU:CB	0.98	2.26	9	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:95:GLN:HG2	0.98	1.93	16	2
1:A:58:VAL:HG13	1:A:63:HIS:HB2	0.98	1.22	1	3
1:A:97:LYS:O	1:A:101:ASP:CG	0.98	2.01	4	5
1:A:55:GLU:OE2	1:A:56:LYS:CA	0.98	2.12	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:35:ASN:O	1:A:35:ASN:OD1	0.98	1.82	7	4
1:A:87:ALA:HA	1:A:91:SER:HB3	0.97	1.36	9	9
1:A:14:ASP:O	1:A:29:LYS:HG3	0.97	1.58	15	3
1:A:18:PHE:CD1	1:A:20:HIS:ND1	0.97	2.31	8	1
1:A:72:LYS:C	1:A:72:LYS:HD2	0.97	1.76	11	9
1:A:79:PRO:HB2	1:A:82:ILE:CD1	0.97	1.88	12	1
1:A:6:TYR:CD1	1:A:6:TYR:N	0.97	2.32	7	7
1:A:38:HIS:CE1	1:A:96:LEU:HD13	0.97	1.94	13	3
1:A:21:SER:CB	1:A:42:ALA:CA	0.97	2.42	1	9
1:A:15:VAL:HG21	1:A:26:MET:CE	0.97	1.89	9	7
1:A:6:TYR:HB3	1:A:17:GLU:OE2	0.97	1.59	17	4
1:A:73:TYR:HB3	1:A:74:GLN:OE1	0.97	1.59	7	4
1:A:14:ASP:OD2	1:A:29:LYS:HG3	0.97	1.59	2	4
1:A:25:ILE:CB	1:A:35:ASN:OD1	0.97	2.13	6	1
1:A:92:VAL:HG11	1:A:96:LEU:HD11	0.97	1.34	7	2
1:A:63:HIS:CD2	1:A:76:THR:HG22	0.97	1.87	8	2
1:A:72:LYS:C	1:A:72:LYS:HD3	0.97	1.80	8	3
1:A:20:HIS:CD2	1:A:25:ILE:HD12	0.97	1.92	6	2
1:A:31:ASP:OD2	1:A:33:TRP:CG	0.97	2.18	6	1
1:A:41:LYS:N	1:A:41:LYS:CE	0.97	2.28	6	1
1:A:34:VAL:HG11	1:A:83:ALA:HB3	0.97	1.32	6	1
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:CD2	0.97	1.92	5	3
1:A:15:VAL:HB	1:A:27:LYS:O	0.97	1.57	9	14
1:A:92:VAL:O	1:A:96:LEU:HG	0.97	1.57	10	14
1:A:66:VAL:HG22	1:A:77:TRP:HZ2	0.97	1.17	5	1
1:A:27:LYS:HB2	1:A:33:TRP:O	0.97	1.57	10	6
1:A:82:ILE:HA	1:A:85:GLN:CD	0.97	1.80	18	1
1:A:72:LYS:HE2	1:A:73:TYR:CE1	0.97	1.95	14	2
1:A:66:VAL:HB	1:A:71:GLY:C	0.97	1.79	17	14
1:A:18:PHE:CZ	1:A:27:LYS:HE2	0.97	1.95	19	1
1:A:41:LYS:CE	1:A:46:ALA:CB	0.97	2.42	4	1
1:A:41:LYS:HE3	1:A:46:ALA:CB	0.97	1.89	4	1
1:A:35:ASN:N	1:A:35:ASN:OD1	0.97	1.97	11	2
1:A:62:THR:O	1:A:62:THR:HG22	0.97	1.60	18	2
1:A:31:ASP:OD2	1:A:33:TRP:CZ3	0.97	2.18	4	2
1:A:37:THR:HA	1:A:41:LYS:HB3	0.97	1.37	17	9
1:A:26:MET:HE2	1:A:74:GLN:NE2	0.97	1.73	7	1
1:A:29:LYS:CD	1:A:29:LYS:C	0.97	2.31	17	3
1:A:92:VAL:CB	1:A:96:LEU:HG	0.97	1.90	11	6
1:A:17:GLU:C	1:A:18:PHE:CD1	0.97	2.38	6	8
1:A:8:ALA:HB1	1:A:10:TYR:HE1	0.96	1.16	8	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:26:MET:O	1:A:74:GLN:CB	0.96	2.13	16	5
1:A:24:SER:CB	1:A:73:TYR:CE2	0.96	2.48	13	1
1:A:6:TYR:CD1	1:A:7:SER:N	0.96	2.33	11	1
1:A:79:PRO:HB2	1:A:82:ILE:HD11	0.96	1.36	12	1
1:A:74:GLN:OE1	1:A:74:GLN:N	0.96	1.97	11	3
1:A:92:VAL:HG22	1:A:95:GLN:CB	0.96	1.89	12	2
1:A:56:LYS:O	1:A:60:LYS:NZ	0.96	1.97	10	1
1:A:31:ASP:O	1:A:32:ASP:CB	0.96	2.12	2	2
1:A:27:LYS:CD	1:A:32:ASP:CA	0.96	2.43	9	1
1:A:15:VAL:HG12	1:A:28:ARG:HA	0.96	1.36	3	9
1:A:92:VAL:HG13	1:A:95:GLN:CB	0.96	1.91	1	3
1:A:124:ASP:OD1	1:A:124:ASP:N	0.96	1.94	10	3
1:A:37:THR:CA	1:A:41:LYS:HB2	0.96	1.90	9	6
1:A:15:VAL:HG13	1:A:27:LYS:CA	0.96	1.90	11	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:53:ILE:HG22	0.96	1.35	18	1
1:A:63:HIS:O	1:A:64:GLU:OE1	0.96	1.83	12	1
1:A:92:VAL:CB	1:A:96:LEU:CG	0.96	2.44	9	7
1:A:6:TYR:CB	1:A:17:GLU:HG3	0.96	1.90	8	5
1:A:20:HIS:CD2	1:A:38:HIS:CD2	0.96	2.52	18	2
1:A:6:TYR:CB	1:A:17:GLU:OE2	0.96	2.12	17	2
1:A:92:VAL:HG12	1:A:96:LEU:CG	0.96	1.90	2	3
1:A:20:HIS:CD2	1:A:95:GLN:HB3	0.96	1.94	4	2
1:A:31:ASP:OD2	1:A:33:TRP:CD2	0.96	2.17	6	2
1:A:28:ARG:HB2	1:A:33:TRP:CD2	0.96	1.95	12	1
1:A:54:LEU:HD22	1:A:58:VAL:HG21	0.96	1.33	14	1
1:A:66:VAL:CG2	1:A:77:TRP:NE1	0.96	2.28	5	1
1:A:44:ASN:OD1	1:A:50:ARG:HD3	0.96	1.61	7	1
1:A:72:LYS:HD3	1:A:72:LYS:C	0.96	1.79	16	3
1:A:92:VAL:CG1	1:A:95:GLN:CB	0.96	2.44	3	6
1:A:80:LEU:HD13	1:A:80:LEU:C	0.96	1.81	19	1
1:A:5:ILE:O	1:A:5:ILE:CG2	0.96	2.14	6	8
1:A:92:VAL:CG2	1:A:96:LEU:CD1	0.96	2.42	18	3
1:A:28:ARG:CD	1:A:30:LYS:HB2	0.96	1.89	11	1
1:A:79:PRO:HG2	1:A:82:ILE:CG1	0.96	1.90	11	1
1:A:50:ARG:NH2	1:A:53:ILE:CB	0.96	2.27	8	1
1:A:21:SER:CB	1:A:42:ALA:CB	0.96	2.43	1	5
1:A:27:LYS:HG2	1:A:33:TRP:O	0.96	1.60	1	5
1:A:32:ASP:O	1:A:80:LEU:HB2	0.96	1.61	15	5
1:A:38:HIS:HE2	1:A:96:LEU:CD2	0.96	1.74	5	2
1:A:5:ILE:HD11	1:A:99:LEU:HB2	0.96	1.37	17	2
1:A:14:ASP:OD1	1:A:29:LYS:CG	0.96	2.13	9	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:TYR:OH	1:A:8:ALA:HB2	0.96	1.59	11	1
1:A:84:LYS:O	1:A:88:GLU:CB	0.95	2.14	18	17
1:A:49:LYS:NZ	1:A:53:ILE:HG13	0.95	1.76	1	1
1:A:44:ASN:O	1:A:45:PHE:HB2	0.95	1.61	5	3
1:A:41:LYS:HE3	1:A:50:ARG:CG	0.95	1.90	9	1
1:A:41:LYS:HE2	1:A:41:LYS:CA	0.95	1.88	6	1
1:A:31:ASP:CB	1:A:33:TRP:HE1	0.95	1.74	6	6
1:A:65:LYS:HZ3	1:A:67:GLN:NE2	0.95	1.60	7	1
1:A:28:ARG:CB	1:A:33:TRP:NE1	0.95	2.29	18	3
1:A:21:SER:OG	1:A:42:ALA:HA	0.95	1.57	1	10
1:A:58:VAL:CG2	1:A:63:HIS:HA	0.95	1.90	16	4
1:A:29:LYS:HD3	1:A:29:LYS:O	0.95	1.60	4	1
1:A:25:ILE:HG12	1:A:35:ASN:OD1	0.95	1.58	6	1
1:A:13:VAL:HG21	1:A:30:LYS:HG2	0.95	1.33	11	2
1:A:16:TYR:C	1:A:18:PHE:CE1	0.95	2.39	6	5
1:A:49:LYS:CE	1:A:53:ILE:CG1	0.95	2.45	1	1
1:A:50:ARG:HH12	1:A:53:ILE:HB	0.95	1.20	13	1
1:A:64:GLU:HB3	1:A:77:TRP:CD1	0.95	1.87	9	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:53:ILE:CG2	0.95	1.87	18	1
1:A:79:PRO:HB2	1:A:82:ILE:CG1	0.95	1.90	12	2
1:A:41:LYS:HZ1	1:A:54:LEU:CG	0.95	1.74	9	1
1:A:22:THR:HG22	1:A:25:ILE:HD11	0.95	1.36	7	1
1:A:39:ILE:HG12	1:A:87:ALA:CB	0.95	1.90	6	11
1:A:68:GLY:O	1:A:70:PHE:CE1	0.95	2.19	13	2
1:A:85:GLN:HA	1:A:88:GLU:OE2	0.95	1.62	10	3
1:A:50:ARG:HD3	1:A:54:LEU:CG	0.95	1.91	4	1
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:O	0.95	1.58	9	1
1:A:50:ARG:O	1:A:54:LEU:CB	0.95	2.14	3	18
1:A:66:VAL:HG21	1:A:72:LYS:CA	0.95	1.92	15	6
1:A:65:LYS:HA	1:A:75:GLY:O	0.95	1.62	5	9
1:A:51:THR:O	1:A:55:GLU:HB3	0.95	1.60	11	7
1:A:80:LEU:HD22	1:A:80:LEU:C	0.95	1.82	9	2
1:A:97:LYS:HG2	1:A:98:PRO:N	0.95	1.71	12	3
1:A:6:TYR:CB	1:A:17:GLU:OE1	0.95	2.13	8	1
1:A:72:LYS:CD	1:A:72:LYS:C	0.95	2.32	19	4
1:A:44:ASN:CG	1:A:50:ARG:NE	0.95	2.20	11	2
1:A:74:GLN:N	1:A:74:GLN:OE1	0.95	2.00	19	3
1:A:99:LEU:HD21	1:A:100:PHE:CE1	0.95	1.97	7	1
1:A:29:LYS:C	1:A:29:LYS:HD2	0.95	1.80	2	3
1:A:53:ILE:HG13	1:A:56:LYS:HZ2	0.95	1.19	4	1
1:A:5:ILE:HD12	1:A:18:PHE:CG	0.95	1.85	3	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:81:ASN:O	1:A:85:GLN:CD	0.95	2.05	18	1
1:A:66:VAL:HG21	1:A:71:GLY:HA3	0.95	1.37	8	2
1:A:13:VAL:HG11	1:A:30:LYS:HG2	0.95	1.38	9	2
1:A:25:ILE:CG1	1:A:38:HIS:ND1	0.95	2.28	8	2
1:A:29:LYS:CD	1:A:29:LYS:O	0.95	2.14	17	2
1:A:28:ARG:CB	1:A:33:TRP:CD2	0.95	2.50	12	2
1:A:96:LEU:CD1	1:A:99:LEU:CD1	0.95	2.45	16	1
1:A:20:HIS:HB2	1:A:25:ILE:CD1	0.94	1.92	18	6
1:A:72:LYS:O	1:A:72:LYS:HD3	0.94	1.60	7	5
1:A:99:LEU:HG	1:A:100:PHE:CD1	0.94	1.96	7	1
1:A:47:LYS:HG3	1:A:48:ALA:N	0.94	1.70	11	1
1:A:81:ASN:O	1:A:85:GLN:CG	0.94	2.15	18	1
1:A:66:VAL:HG11	1:A:75:GLY:H	0.94	1.17	16	3
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:LYS:CD	0.94	1.92	17	5
1:A:71:GLY:HA2	1:A:74:GLN:OE1	0.94	1.62	17	4
1:A:84:LYS:O	1:A:88:GLU:CD	0.94	2.04	2	4
1:A:57:GLU:O	1:A:61:GLU:HG3	0.94	1.59	17	3
1:A:20:HIS:CE1	1:A:95:GLN:CG	0.94	2.50	16	3
1:A:64:GLU:HB3	1:A:77:TRP:CE3	0.94	1.95	14	3
1:A:59:LEU:HD13	1:A:59:LEU:C	0.94	1.82	2	7
1:A:87:ALA:HA	1:A:91:SER:OG	0.94	1.61	4	11
1:A:20:HIS:CE1	1:A:96:LEU:CG	0.94	2.49	7	1
1:A:28:ARG:HB3	1:A:33:TRP:CG	0.94	1.97	17	1
1:A:14:ASP:OD1	1:A:29:LYS:HB2	0.94	1.62	9	3
1:A:25:ILE:CG1	1:A:38:HIS:NE2	0.94	2.29	11	3
1:A:94:ASP:CA	1:A:97:LYS:HD3	0.94	1.92	17	1
1:A:34:VAL:O	1:A:78:VAL:HG23	0.94	1.63	3	11
1:A:97:LYS:O	1:A:101:ASP:OD1	0.94	1.85	4	2
1:A:6:TYR:CE1	1:A:8:ALA:HB2	0.94	1.96	11	1
1:A:44:ASN:HB2	1:A:50:ARG:NH2	0.94	1.78	1	3
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:HE3	0.94	1.83	18	1
1:A:32:ASP:HB3	1:A:80:LEU:HD22	0.94	1.34	16	1
1:A:19:ILE:HD13	1:A:19:ILE:C	0.94	1.75	12	1
1:A:64:GLU:HB3	1:A:77:TRP:CZ2	0.94	1.97	13	3
1:A:64:GLU:OE1	1:A:77:TRP:CZ3	0.94	2.21	16	2
1:A:66:VAL:CG1	1:A:75:GLY:H	0.94	1.76	16	3
1:A:18:PHE:CZ	1:A:27:LYS:CD	0.94	2.51	5	2
1:A:84:LYS:NZ	1:A:100:PHE:CD1	0.94	2.36	5	1
1:A:20:HIS:NE2	1:A:95:GLN:CB	0.94	2.30	16	4
1:A:50:ARG:HA	1:A:50:ARG:NH1	0.94	1.78	13	1
1:A:96:LEU:CD1	1:A:100:PHE:CD2	0.94	2.50	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:36:ALA:CB	1:A:58:VAL:HG21	0.94	1.92	4	1
1:A:16:TYR:CB	1:A:18:PHE:CE1	0.94	2.51	10	5
1:A:27:LYS:HZ1	1:A:80:LEU:HB2	0.94	1.23	18	1
1:A:56:LYS:HD2	1:A:60:LYS:CE	0.94	1.93	6	1
1:A:89:LYS:HB3	1:A:89:LYS:NZ	0.94	1.75	17	1
1:A:45:PHE:O	1:A:50:ARG:CG	0.94	2.15	14	3
1:A:87:ALA:HA	1:A:91:SER:HB2	0.94	1.39	7	18
1:A:44:ASN:ND2	1:A:50:ARG:HD2	0.94	1.76	10	2
1:A:6:TYR:O	1:A:16:TYR:HB3	0.94	1.63	13	3
1:A:45:PHE:O	1:A:50:ARG:HD2	0.94	1.62	11	4
1:A:94:ASP:O	1:A:97:LYS:HG2	0.94	1.62	17	2
1:A:18:PHE:HE1	1:A:20:HIS:CD2	0.94	1.81	8	1
1:A:66:VAL:HG12	1:A:74:GLN:NE2	0.94	1.75	1	1
1:A:48:ALA:O	1:A:51:THR:CG2	0.94	2.16	7	1
1:A:41:LYS:HZ2	1:A:54:LEU:CG	0.94	1.76	15	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:99:LEU:HD22	0.94	1.97	15	1
1:A:57:GLU:O	1:A:57:GLU:CD	0.94	2.06	9	1
1:A:6:TYR:CZ	1:A:17:GLU:CB	0.94	2.51	11	1
1:A:79:PRO:HB2	1:A:81:ASN:OD1	0.93	1.63	14	3
1:A:64:GLU:HB3	1:A:77:TRP:CZ3	0.93	1.97	5	2
1:A:18:PHE:CZ	1:A:27:LYS:HD3	0.93	1.97	5	2
1:A:71:GLY:CA	1:A:74:GLN:NE2	0.93	2.31	7	7
1:A:90:PHE:CD1	1:A:90:PHE:C	0.93	2.34	13	3
1:A:32:ASP:N	1:A:32:ASP:OD1	0.93	2.01	8	4
1:A:14:ASP:OD1	1:A:14:ASP:N	0.93	2.00	12	3
1:A:16:TYR:CE1	1:A:27:LYS:CE	0.93	2.51	4	1
1:A:11:SER:OG	1:A:70:PHE:CB	0.93	2.15	12	1
1:A:8:ALA:HB2	1:A:17:GLU:CG	0.93	1.93	3	6
1:A:5:ILE:HG12	1:A:18:PHE:CD2	0.93	1.97	4	1
1:A:92:VAL:HG21	1:A:96:LEU:HD11	0.93	1.39	18	3
1:A:40:LEU:HD11	1:A:53:ILE:HG21	0.93	1.35	12	1
1:A:54:LEU:HD23	1:A:58:VAL:CG2	0.93	1.93	14	2
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:HE2	0.93	1.98	5	2
1:A:31:ASP:OD2	1:A:33:TRP:CH2	0.93	2.22	2	6
1:A:41:LYS:NZ	1:A:54:LEU:HD13	0.93	1.78	15	1
1:A:50:ARG:C	1:A:50:ARG:CD	0.93	2.37	6	1
1:A:87:ALA:CA	1:A:91:SER:HB3	0.93	1.93	9	8
1:A:50:ARG:O	1:A:54:LEU:HB3	0.93	1.63	1	10
1:A:35:ASN:CA	1:A:77:TRP:HA	0.93	1.93	17	14
1:A:93:TYR:N	1:A:96:LEU:HD12	0.93	1.78	4	5
1:A:36:ALA:HB1	1:A:54:LEU:HD11	0.93	1.37	19	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:TYR:O	1:A:17:GLU:HG2	0.93	1.63	16	2
1:A:64:GLU:CB	1:A:77:TRP:HE1	0.93	1.75	19	11
1:A:92:VAL:HG11	1:A:96:LEU:CD2	0.93	1.90	11	5
1:A:20:HIS:HE2	1:A:92:VAL:HG12	0.93	1.15	16	2
1:A:41:LYS:NZ	1:A:54:LEU:CB	0.93	2.29	15	2
1:A:77:TRP:CD1	1:A:77:TRP:N	0.93	2.36	12	8
1:A:80:LEU:HD22	1:A:80:LEU:O	0.93	1.62	19	2
1:A:61:GLU:OE1	1:A:82:ILE:HD13	0.93	1.64	8	2
1:A:41:LYS:NZ	1:A:50:ARG:HG3	0.93	1.78	17	1
1:A:27:LYS:HG3	1:A:33:TRP:O	0.93	1.59	10	5
1:A:18:PHE:O	1:A:24:SER:HA	0.93	1.64	16	16
1:A:93:TYR:N	1:A:96:LEU:CD1	0.93	2.30	4	4
1:A:9:ARG:HB2	1:A:14:ASP:CA	0.93	1.93	6	4
1:A:40:LEU:CD2	1:A:53:ILE:HG22	0.93	1.93	3	1
1:A:33:TRP:CZ3	1:A:62:THR:HG22	0.93	1.96	4	4
1:A:15:VAL:CG2	1:A:26:MET:CG	0.93	2.47	9	4
1:A:55:GLU:HG2	1:A:59:LEU:HD12	0.93	1.38	3	1
1:A:6:TYR:HB2	1:A:17:GLU:O	0.93	1.64	17	10
1:A:61:GLU:HG3	1:A:61:GLU:O	0.93	1.59	1	1
1:A:92:VAL:C	1:A:96:LEU:HD12	0.93	1.82	4	4
1:A:26:MET:HB2	1:A:74:GLN:OE1	0.93	1.64	7	1
1:A:53:ILE:O	1:A:57:GLU:OE1	0.93	1.84	7	1
1:A:66:VAL:CG2	1:A:75:GLY:H	0.93	1.76	6	9
1:A:5:ILE:HG12	1:A:18:PHE:CD1	0.93	1.99	4	2
1:A:71:GLY:O	1:A:74:GLN:HG2	0.93	1.64	16	2
1:A:24:SER:CB	1:A:73:TYR:CD1	0.93	2.52	18	1
1:A:35:ASN:HB2	1:A:74:GLN:CA	0.92	1.94	5	11
1:A:28:ARG:CB	1:A:33:TRP:HD1	0.92	1.77	7	12
1:A:72:LYS:NZ	1:A:73:TYR:CZ	0.92	2.37	1	3
1:A:42:ALA:HB3	1:A:92:VAL:CG2	0.92	1.93	2	4
1:A:59:LEU:C	1:A:59:LEU:HD13	0.92	1.84	5	8
1:A:66:VAL:CG1	1:A:71:GLY:CA	0.92	2.46	5	5
1:A:9:ARG:O	1:A:9:ARG:HG3	0.92	1.61	16	4
1:A:35:ASN:OD1	1:A:35:ASN:N	0.92	2.01	3	3
1:A:5:ILE:CG1	1:A:18:PHE:CD1	0.92	2.52	3	3
1:A:26:MET:HB3	1:A:74:GLN:NE2	0.92	1.71	16	5
1:A:22:THR:CG2	1:A:38:HIS:ND1	0.92	2.32	11	1
1:A:58:VAL:CB	1:A:63:HIS:HB2	0.92	1.94	4	10
1:A:38:HIS:C	1:A:38:HIS:CD2	0.92	2.42	15	5
1:A:80:LEU:HD21	1:A:84:LYS:HD2	0.92	1.39	10	1
1:A:77:TRP:N	1:A:77:TRP:CD1	0.92	2.35	16	11

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:20:HIS:NE2	1:A:42:ALA:HB1	0.92	1.79	11	3
1:A:9:ARG:HB2	1:A:14:ASP:CB	0.92	1.93	6	6
1:A:6:TYR:CZ	1:A:8:ALA:HB2	0.92	1.98	11	1
1:A:28:ARG:HD2	1:A:77:TRP:CD2	0.92	1.98	5	1
1:A:28:ARG:NE	1:A:77:TRP:CG	0.92	2.37	5	1
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:HG3	0.92	1.84	9	6
1:A:5:ILE:HD11	1:A:18:PHE:CD2	0.92	2.00	3	1
1:A:87:ALA:CB	1:A:91:SER:OG	0.92	2.18	10	1
1:A:54:LEU:C	1:A:58:VAL:HG13	0.92	1.84	9	2
1:A:16:TYR:O	1:A:27:LYS:HD3	0.92	1.63	16	1
1:A:44:ASN:O	1:A:45:PHE:CB	0.92	2.17	17	3
1:A:35:ASN:OD1	1:A:37:THR:HB	0.92	1.64	13	9
1:A:20:HIS:CE1	1:A:96:LEU:HG	0.92	1.98	7	1
1:A:28:ARG:NE	1:A:77:TRP:CH2	0.92	2.37	15	3
1:A:93:TYR:CG	1:A:94:ASP:N	0.92	2.36	13	7
1:A:53:ILE:O	1:A:57:GLU:HB3	0.92	1.63	12	7
1:A:6:TYR:CZ	1:A:18:PHE:HA	0.92	2.00	7	2
1:A:66:VAL:HG13	1:A:72:LYS:HA	0.92	1.38	8	4
1:A:39:ILE:HA	1:A:92:VAL:CG2	0.92	1.93	14	7
1:A:41:LYS:CA	1:A:44:ASN:ND2	0.92	2.33	16	6
1:A:118:HIS:N	1:A:118:HIS:CD2	0.92	2.37	6	2
1:A:41:LYS:N	1:A:41:LYS:HD3	0.92	1.79	9	1
1:A:15:VAL:HG22	1:A:27:LYS:O	0.92	1.64	11	1
1:A:64:GLU:O	1:A:76:THR:HA	0.92	1.63	16	14
1:A:66:VAL:CG1	1:A:75:GLY:N	0.92	2.32	16	3
1:A:18:PHE:O	1:A:25:ILE:HG13	0.92	1.64	16	2
1:A:37:THR:HG22	1:A:41:LYS:HD2	0.92	1.39	2	2
1:A:18:PHE:CE2	1:A:27:LYS:HD2	0.92	1.98	6	1
1:A:5:ILE:O	1:A:5:ILE:HG22	0.92	1.63	17	8
1:A:50:ARG:HG2	1:A:50:ARG:NH1	0.92	1.77	4	1
1:A:94:ASP:HA	1:A:97:LYS:HD3	0.92	1.42	17	1
1:A:44:ASN:OD1	1:A:50:ARG:HD2	0.91	1.64	19	1
1:A:66:VAL:HG12	1:A:75:GLY:HA2	0.91	1.38	13	3
1:A:43:ALA:C	1:A:44:ASN:OD1	0.91	2.08	8	2
1:A:66:VAL:HG23	1:A:71:GLY:O	0.91	1.63	17	2
1:A:58:VAL:O	1:A:61:GLU:N	0.91	2.02	12	18
1:A:22:THR:OG1	1:A:41:LYS:HD2	0.91	1.63	1	2
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:CG	0.91	2.48	17	13
1:A:28:ARG:NH1	1:A:28:ARG:HG3	0.91	1.79	13	2
1:A:22:THR:CG2	1:A:38:HIS:CE1	0.91	2.52	11	2
1:A:5:ILE:HD11	1:A:99:LEU:CA	0.91	1.95	15	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:TYR:CE2	1:A:27:LYS:HG3	0.91	2.00	5	1
1:A:16:TYR:CB	1:A:18:PHE:HZ	0.91	1.78	19	4
1:A:59:LEU:HD13	1:A:60:LYS:N	0.91	1.79	2	3
1:A:82:ILE:C	1:A:82:ILE:CD1	0.91	2.37	11	2
1:A:96:LEU:CD1	1:A:99:LEU:HD12	0.91	1.95	16	1
1:A:53:ILE:O	1:A:57:GLU:HG2	0.91	1.62	8	1
1:A:5:ILE:HD13	1:A:99:LEU:HA	0.91	1.41	13	2
1:A:56:LYS:O	1:A:60:LYS:HG3	0.91	1.63	19	1
1:A:28:ARG:NH1	1:A:30:LYS:CE	0.91	2.33	7	2
1:A:35:ASN:OD1	1:A:37:THR:N	0.91	2.03	7	4
1:A:25:ILE:HG12	1:A:38:HIS:NE2	0.91	1.80	12	3
1:A:21:SER:OG	1:A:42:ALA:CA	0.91	2.18	1	7
1:A:20:HIS:CE1	1:A:96:LEU:N	0.91	2.38	7	3
1:A:35:ASN:OD1	1:A:38:HIS:N	0.91	2.03	12	4
1:A:9:ARG:CG	1:A:14:ASP:HA	0.91	1.93	2	2
1:A:61:GLU:CD	1:A:82:ILE:HD12	0.91	1.84	3	2
1:A:61:GLU:OE2	1:A:82:ILE:HG21	0.91	1.65	15	2
1:A:60:LYS:NZ	1:A:60:LYS:HA	0.91	1.80	18	1
1:A:26:MET:HB3	1:A:74:GLN:CB	0.91	1.96	1	2
1:A:55:GLU:HG3	1:A:56:LYS:N	0.91	1.78	17	4
1:A:41:LYS:HZ2	1:A:54:LEU:HB2	0.91	1.17	15	1
1:A:15:VAL:HG12	1:A:27:LYS:N	0.91	1.76	11	1
1:A:86:LEU:C	1:A:86:LEU:HD12	0.91	1.86	11	1
1:A:63:HIS:O	1:A:63:HIS:ND1	0.91	2.02	14	4
1:A:15:VAL:HA	1:A:27:LYS:O	0.91	1.60	16	10
1:A:60:LYS:O	1:A:61:GLU:OE1	0.91	1.87	18	3
1:A:14:ASP:HB3	1:A:29:LYS:CD	0.91	1.96	14	3
1:A:34:VAL:O	1:A:77:TRP:CA	0.91	2.19	9	17
1:A:5:ILE:CG2	1:A:5:ILE:O	0.91	2.18	3	4
1:A:18:PHE:N	1:A:18:PHE:CD1	0.91	2.38	6	5
1:A:92:VAL:O	1:A:96:LEU:HD11	0.91	1.63	10	1
1:A:14:ASP:CB	1:A:29:LYS:CE	0.91	2.49	18	2
1:A:58:VAL:HB	1:A:63:HIS:HB2	0.91	1.42	11	5
1:A:26:MET:HE1	1:A:73:TYR:CD2	0.91	2.01	12	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:96:LEU:HG	0.91	1.99	7	1
1:A:34:VAL:HG21	1:A:39:ILE:CD1	0.91	1.96	6	2
1:A:18:PHE:CD2	1:A:99:LEU:HD22	0.91	1.99	15	1
1:A:65:LYS:HG2	1:A:65:LYS:O	0.91	1.63	19	2
1:A:38:HIS:CD2	1:A:96:LEU:HD11	0.91	1.99	7	1
1:A:64:GLU:C	1:A:77:TRP:CD1	0.91	2.44	9	1
1:A:56:LYS:O	1:A:60:LYS:HD2	0.91	1.66	6	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:67:GLN:O	1:A:70:PHE:CE1	0.91	2.24	17	1
1:A:11:SER:OG	1:A:70:PHE:HB3	0.91	1.66	12	1
1:A:49:LYS:HA	1:A:49:LYS:CE	0.90	1.93	6	1
1:A:122:LYS:HE3	1:A:122:LYS:CA	0.90	1.97	6	1
1:A:27:LYS:CA	1:A:33:TRP:O	0.90	2.19	19	11
1:A:26:MET:H	1:A:74:GLN:CG	0.90	1.77	5	7
1:A:61:GLU:CG	1:A:61:GLU:O	0.90	2.17	1	1
1:A:20:HIS:HD2	1:A:38:HIS:CD2	0.90	1.85	18	2
1:A:8:ALA:CB	1:A:26:MET:CE	0.90	2.49	6	2
1:A:94:ASP:OD1	1:A:94:ASP:N	0.90	2.04	11	1
1:A:47:LYS:HZ3	1:A:47:LYS:HB2	0.90	1.22	16	1
1:A:35:ASN:HB2	1:A:74:GLN:HA	0.90	1.43	14	11
1:A:62:THR:OG1	1:A:79:PRO:HG2	0.90	1.61	1	1
1:A:9:ARG:HA	1:A:14:ASP:HA	0.90	1.42	3	14
1:A:37:THR:HG22	1:A:41:LYS:CE	0.90	1.95	2	1
1:A:27:LYS:HD3	1:A:32:ASP:C	0.90	1.86	9	2
1:A:18:PHE:CE1	1:A:20:HIS:CG	0.90	2.59	8	1
1:A:14:ASP:OD2	1:A:29:LYS:HD2	0.90	1.65	13	2
1:A:52:ARG:CZ	1:A:52:ARG:CB	0.90	2.47	14	1
1:A:24:SER:C	1:A:25:ILE:CD1	0.90	2.40	4	3
1:A:16:TYR:CE1	1:A:25:ILE:HG22	0.90	2.01	3	1
1:A:14:ASP:OD2	1:A:29:LYS:HE3	0.90	1.63	18	1
1:A:9:ARG:HG3	1:A:9:ARG:O	0.90	1.62	14	7
1:A:6:TYR:HB3	1:A:17:GLU:HG3	0.90	1.44	19	2
1:A:58:VAL:HG13	1:A:63:HIS:ND1	0.90	1.79	19	1
1:A:20:HIS:CG	1:A:21:SER:H	0.90	1.85	4	5
1:A:93:TYR:CE2	1:A:94:ASP:OD1	0.90	2.25	15	2
1:A:63:HIS:HD2	1:A:76:THR:HG21	0.90	1.23	8	1
1:A:59:LEU:HA	1:A:63:HIS:NE2	0.90	1.82	17	4
1:A:37:THR:HA	1:A:41:LYS:CD	0.90	1.96	19	2
1:A:32:ASP:O	1:A:80:LEU:HB3	0.90	1.67	7	9
1:A:97:LYS:CG	1:A:98:PRO:HD3	0.90	1.97	12	4
1:A:20:HIS:HD1	1:A:38:HIS:CE1	0.90	1.85	7	1
1:A:40:LEU:HD12	1:A:53:ILE:HG21	0.90	0.92	4	1
1:A:66:VAL:HG11	1:A:72:LYS:CA	0.90	1.97	12	3
1:A:16:TYR:OH	1:A:32:ASP:HA	0.90	1.67	16	1
1:A:58:VAL:HG11	1:A:63:HIS:CG	0.90	2.02	19	2
1:A:19:ILE:HD13	1:A:23:GLY:C	0.90	1.87	2	1
1:A:74:GLN:NE2	1:A:77:TRP:CZ3	0.90	2.40	2	1
1:A:10:TYR:CE2	1:A:26:MET:HE2	0.90	2.01	6	1
1:A:117:HIS:CD2	1:A:117:HIS:O	0.90	2.25	6	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:92:VAL:HG13	1:A:96:LEU:CG	0.90	1.97	12	2
1:A:31:ASP:C	1:A:31:ASP:OD1	0.90	2.10	4	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:99:LEU:CD2	0.90	2.55	15	2
1:A:19:ILE:N	1:A:19:ILE:HD12	0.90	1.81	12	1
1:A:95:GLN:C	1:A:96:LEU:HD23	0.89	1.85	6	6
1:A:8:ALA:CB	1:A:17:GLU:HG2	0.89	1.96	3	4
1:A:27:LYS:HB2	1:A:27:LYS:HZ3	0.89	1.26	1	1
1:A:35:ASN:C	1:A:35:ASN:OD1	0.89	2.11	7	3
1:A:53:ILE:HA	1:A:56:LYS:CD	0.89	1.97	4	1
1:A:61:GLU:OE2	1:A:82:ILE:HD13	0.89	1.66	15	1
1:A:58:VAL:CA	1:A:63:HIS:HB3	0.89	1.95	7	2
1:A:28:ARG:HB2	1:A:33:TRP:CG	0.89	2.02	12	4
1:A:50:ARG:NH1	1:A:54:LEU:CB	0.89	2.30	7	1
1:A:19:ILE:CD1	1:A:24:SER:OG	0.89	2.20	16	1
1:A:54:LEU:CD1	1:A:76:THR:CG2	0.89	2.49	12	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:98:PRO:CG	0.89	2.55	8	2
1:A:97:LYS:N	1:A:98:PRO:HD2	0.89	1.81	15	11
1:A:66:VAL:CG2	1:A:75:GLY:CA	0.89	2.48	2	5
1:A:27:LYS:CG	1:A:32:ASP:HA	0.89	1.97	9	2
1:A:66:VAL:HG11	1:A:72:LYS:HA	0.89	1.42	15	2
1:A:49:LYS:HE3	1:A:49:LYS:N	0.89	1.81	6	2
1:A:93:TYR:HA	1:A:100:PHE:CE2	0.89	2.01	8	2
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:HE3	0.89	1.97	18	3
1:A:57:GLU:O	1:A:61:GLU:OE2	0.89	1.90	17	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:99:LEU:HB2	0.89	2.02	16	1
1:A:87:ALA:CA	1:A:91:SER:HB2	0.89	1.96	16	10
1:A:37:THR:CA	1:A:41:LYS:HD3	0.89	1.98	19	1
1:A:26:MET:HB2	1:A:74:GLN:HG3	0.89	1.43	8	5
1:A:19:ILE:CD1	1:A:24:SER:CB	0.89	2.50	16	2
1:A:6:TYR:OH	1:A:8:ALA:CB	0.89	2.20	11	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:54:LEU:HD21	0.89	1.45	18	1
1:A:37:THR:HA	1:A:41:LYS:HB2	0.89	1.43	19	7
1:A:96:LEU:HB3	1:A:99:LEU:HD23	0.89	1.44	7	4
1:A:14:ASP:O	1:A:29:LYS:HB3	0.89	1.66	7	2
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:HG2	0.89	1.98	10	4
1:A:28:ARG:CG	1:A:28:ARG:HH11	0.89	1.79	13	1
1:A:56:LYS:CD	1:A:60:LYS:HE3	0.89	1.97	6	1
1:A:26:MET:HE3	1:A:73:TYR:CD2	0.89	1.99	12	1
1:A:16:TYR:O	1:A:25:ILE:O	0.89	1.90	11	12
1:A:38:HIS:CE1	1:A:96:LEU:HD23	0.89	2.01	4	2
1:A:5:ILE:CG1	1:A:18:PHE:CE2	0.89	2.56	3	3

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:80:LEU:O	1:A:84:LYS:HD3	0.89	1.66	18	1
1:A:66:VAL:CG1	1:A:75:GLY:CA	0.89	2.50	16	2
1:A:55:GLU:CA	1:A:59:LEU:HB2	0.89	1.98	3	4
1:A:74:GLN:OE1	1:A:74:GLN:C	0.89	2.09	15	1
1:A:41:LYS:HZ1	1:A:54:LEU:CB	0.89	1.80	9	1
1:A:79:PRO:CB	1:A:82:ILE:HD11	0.89	1.97	12	1
1:A:49:LYS:HB2	1:A:50:ARG:HH12	0.89	1.26	14	1
1:A:64:GLU:CB	1:A:77:TRP:CD2	0.89	2.55	14	3
1:A:96:LEU:HD12	1:A:100:PHE:CE2	0.89	2.02	19	2
1:A:97:LYS:HG3	1:A:101:ASP:OD2	0.89	1.68	4	1
1:A:49:LYS:CE	1:A:49:LYS:CA	0.89	2.50	6	2
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:CZ3	0.89	2.00	13	1
1:A:58:VAL:HB	1:A:63:HIS:HB3	0.88	1.38	5	7
1:A:20:HIS:ND1	1:A:25:ILE:CD1	0.88	2.35	1	2
1:A:54:LEU:HD11	1:A:76:THR:CG2	0.88	1.97	1	2
1:A:44:ASN:HD21	1:A:50:ARG:CD	0.88	1.81	7	2
1:A:5:ILE:C	1:A:6:TYR:CD1	0.88	2.47	10	2
1:A:44:ASN:O	1:A:50:ARG:HD3	0.88	1.68	18	1
1:A:34:VAL:HG11	1:A:83:ALA:CB	0.88	1.93	6	4
1:A:92:VAL:HG12	1:A:95:GLN:HB2	0.88	1.42	8	3
1:A:74:GLN:OE1	1:A:75:GLY:C	0.88	2.12	15	1
1:A:16:TYR:CB	1:A:18:PHE:HE1	0.88	1.81	10	5
1:A:92:VAL:CG1	1:A:95:GLN:HB3	0.88	1.99	3	5
1:A:36:ALA:CB	1:A:54:LEU:HD11	0.88	1.98	19	4
1:A:20:HIS:HE1	1:A:96:LEU:CG	0.88	1.80	7	1
1:A:6:TYR:C	1:A:6:TYR:CD1	0.88	2.47	11	1
1:A:57:GLU:CG	1:A:86:LEU:HD11	0.88	1.98	6	2
1:A:10:TYR:OH	1:A:74:GLN:OE1	0.88	1.90	17	1
1:A:19:ILE:HD12	1:A:19:ILE:H	0.88	1.27	12	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:98:PRO:HG2	0.88	2.03	8	2
1:A:28:ARG:O	1:A:32:ASP:CA	0.88	2.20	17	16
1:A:4:GLN:N	1:A:18:PHE:HZ	0.88	1.62	1	1
1:A:66:VAL:HG12	1:A:74:GLN:CD	0.88	1.87	1	1
1:A:18:PHE:CD2	1:A:99:LEU:CD2	0.88	2.57	15	2
1:A:15:VAL:CG2	1:A:27:LYS:O	0.88	2.20	11	3
1:A:41:LYS:HZ1	1:A:50:ARG:CD	0.88	1.80	17	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:45:PHE:HA	0.88	1.82	14	2
1:A:57:GLU:HG3	1:A:58:VAL:N	0.88	1.81	5	1
1:A:25:ILE:CA	1:A:35:ASN:HD21	0.88	1.80	2	2
1:A:37:THR:HG22	1:A:41:LYS:HD3	0.88	1.44	3	2
1:A:41:LYS:HZ3	1:A:54:LEU:HD12	0.88	1.26	9	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:50:ARG:CG	1:A:54:LEU:HD12	0.88	1.98	17	1
1:A:4:GLN:O	1:A:18:PHE:CG	0.88	2.25	13	3
1:A:14:ASP:HB3	1:A:29:LYS:HB2	0.88	1.43	14	3
1:A:34:VAL:O	1:A:78:VAL:CG2	0.88	2.21	14	13
1:A:72:LYS:HD2	1:A:72:LYS:O	0.88	1.66	1	2
1:A:16:TYR:CD1	1:A:18:PHE:CE1	0.88	2.62	15	1
1:A:28:ARG:HD3	1:A:77:TRP:CZ3	0.88	2.04	12	2
1:A:74:GLN:CD	1:A:77:TRP:CD2	0.88	2.46	1	3
1:A:44:ASN:C	1:A:45:PHE:CG	0.88	2.36	17	2
1:A:64:GLU:OE2	1:A:77:TRP:CE3	0.88	2.27	16	1
1:A:50:ARG:HG3	1:A:54:LEU:HD21	0.88	1.39	5	1
1:A:61:GLU:OE1	1:A:61:GLU:HA	0.88	1.68	18	6
1:A:41:LYS:CE	1:A:54:LEU:HD22	0.88	1.98	15	2
1:A:41:LYS:CD	1:A:45:PHE:HA	0.88	1.99	7	1
1:A:7:SER:CA	1:A:17:GLU:OE1	0.88	2.22	9	1
1:A:16:TYR:CG	1:A:27:LYS:HG2	0.88	2.03	16	1
1:A:47:LYS:HB3	1:A:47:LYS:NZ	0.88	1.82	12	1
1:A:26:MET:HB3	1:A:74:GLN:HG2	0.88	1.46	8	6
1:A:4:GLN:NE2	1:A:6:TYR:CZ	0.88	2.42	1	1
1:A:66:VAL:CG1	1:A:72:LYS:CA	0.88	2.51	8	3
1:A:13:VAL:HG21	1:A:28:ARG:HH12	0.88	0.83	9	1
1:A:41:LYS:HE3	1:A:50:ARG:CB	0.88	1.98	9	1
1:A:8:ALA:HB2	1:A:17:GLU:HG2	0.87	1.42	13	3
1:A:39:ILE:CG1	1:A:87:ALA:HB2	0.87	1.98	11	11
1:A:31:ASP:O	1:A:32:ASP:CG	0.87	2.11	7	1
1:A:50:ARG:HH11	1:A:50:ARG:CG	0.87	1.80	4	2
1:A:13:VAL:CG1	1:A:28:ARG:NH1	0.87	2.36	13	1
1:A:64:GLU:OE1	1:A:64:GLU:HA	0.87	1.68	13	2
1:A:26:MET:SD	1:A:74:GLN:NE2	0.87	2.48	16	5
1:A:28:ARG:HH12	1:A:30:LYS:NZ	0.87	1.59	7	1
1:A:94:ASP:HA	1:A:97:LYS:CE	0.87	2.00	7	1
1:A:94:ASP:OD1	1:A:95:GLN:N	0.87	2.07	6	3
1:A:49:LYS:CB	1:A:50:ARG:HH12	0.87	1.82	14	1
1:A:74:GLN:H	1:A:74:GLN:CD	0.87	1.72	7	3
1:A:26:MET:HB3	1:A:74:GLN:CG	0.87	1.96	8	5
1:A:8:ALA:HB1	1:A:10:TYR:CZ	0.87	2.03	19	4
1:A:33:TRP:CH2	1:A:62:THR:HG21	0.87	2.05	19	1
1:A:56:LYS:HD2	1:A:60:LYS:HE3	0.87	1.43	6	1
1:A:33:TRP:HD1	1:A:33:TRP:N	0.87	1.66	17	3
1:A:21:SER:HB2	1:A:42:ALA:CB	0.87	1.98	1	2
1:A:99:LEU:CD2	1:A:99:LEU:C	0.87	2.43	5	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:36:ALA:CB	1:A:54:LEU:HD21	0.87	1.99	13	1
1:A:5:ILE:HD13	1:A:99:LEU:CA	0.87	1.98	13	1
1:A:80:LEU:O	1:A:84:LYS:HD2	0.87	1.69	13	2
1:A:16:TYR:CD1	1:A:18:PHE:CD2	0.87	2.55	3	2
1:A:117:HIS:CD2	1:A:118:HIS:O	0.87	2.28	3	2
1:A:25:ILE:HD12	1:A:38:HIS:ND1	0.87	1.82	17	1
1:A:33:TRP:CZ3	1:A:62:THR:HB	0.87	2.05	1	3
1:A:88:GLU:O	1:A:93:TYR:HB3	0.87	1.69	18	3
1:A:80:LEU:CD2	1:A:84:LYS:HB3	0.87	2.00	10	2
1:A:6:TYR:OH	1:A:19:ILE:HG12	0.87	1.70	7	1
1:A:96:LEU:HD11	1:A:99:LEU:HD12	0.87	1.46	16	1
1:A:28:ARG:CG	1:A:33:TRP:CZ2	0.87	2.57	12	1
1:A:28:ARG:O	1:A:32:ASP:HA	0.87	1.69	17	15
1:A:41:LYS:O	1:A:41:LYS:HD2	0.87	1.69	7	1
1:A:58:VAL:CG2	1:A:76:THR:CG2	0.87	2.47	7	1
1:A:89:LYS:HB2	1:A:89:LYS:NZ	0.87	1.82	7	1
1:A:36:ALA:C	1:A:39:ILE:HG22	0.87	1.90	13	1
1:A:15:VAL:C	1:A:16:TYR:CD1	0.87	2.47	9	9
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:NZ	0.87	1.84	1	2
1:A:93:TYR:CE1	1:A:94:ASP:HB2	0.87	2.05	1	2
1:A:15:VAL:HG21	1:A:26:MET:CG	0.87	1.99	9	4
1:A:26:MET:CE	1:A:74:GLN:NE2	0.87	2.37	7	1
1:A:25:ILE:N	1:A:25:ILE:CD1	0.87	2.37	4	3
1:A:15:VAL:HG21	1:A:26:MET:HE2	0.87	1.46	15	3
1:A:72:LYS:CE	1:A:73:TYR:CZ	0.87	2.57	11	2
1:A:14:ASP:CB	1:A:29:LYS:CD	0.87	2.53	14	2
1:A:20:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HA	0.87	1.84	5	4
1:A:50:ARG:HH11	1:A:50:ARG:CA	0.87	1.82	4	1
1:A:14:ASP:C	1:A:29:LYS:CG	0.87	2.43	8	3
1:A:27:LYS:HD2	1:A:32:ASP:CG	0.87	1.90	9	1
1:A:6:TYR:HB2	1:A:17:GLU:HG3	0.87	1.47	16	4
1:A:88:GLU:CA	1:A:100:PHE:HZ	0.87	1.78	8	1
1:A:93:TYR:CD1	1:A:93:TYR:C	0.87	2.45	1	3
1:A:57:GLU:HA	1:A:57:GLU:OE1	0.87	1.70	19	3
1:A:89:LYS:HG2	1:A:90:PHE:N	0.87	1.83	11	3
1:A:92:VAL:O	1:A:96:LEU:CD2	0.86	2.23	19	1
1:A:53:ILE:HA	1:A:56:LYS:HD3	0.86	1.45	4	3
1:A:41:LYS:CE	1:A:44:ASN:HD21	0.86	1.83	6	1
1:A:92:VAL:CA	1:A:96:LEU:HD11	0.86	1.99	4	4
1:A:50:ARG:NH1	1:A:50:ARG:HG3	0.86	1.83	7	1
1:A:22:THR:CG2	1:A:38:HIS:NE2	0.86	2.38	6	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:41:LYS:CD	1:A:54:LEU:HD13	0.86	1.99	6	1
1:A:124:ASP:N	1:A:124:ASP:OD1	0.86	2.08	6	1
1:A:79:PRO:HB2	1:A:82:ILE:HG23	0.86	1.45	14	3
1:A:31:ASP:HB3	1:A:33:TRP:CE3	0.86	2.04	16	3
1:A:64:GLU:HG3	1:A:77:TRP:CZ3	0.86	2.05	5	2
1:A:118:HIS:H	1:A:118:HIS:CD2	0.86	1.83	13	4
1:A:25:ILE:CD1	1:A:38:HIS:HD2	0.86	1.79	3	1
1:A:25:ILE:HD11	1:A:38:HIS:HD2	0.86	1.23	11	2
1:A:62:THR:HB	1:A:79:PRO:HG3	0.86	1.47	9	1
1:A:49:LYS:O	1:A:53:ILE:HG12	0.86	1.70	8	4
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:LYS:HE2	0.86	1.45	17	1
1:A:85:GLN:O	1:A:89:LYS:CD	0.86	2.22	17	1
1:A:44:ASN:OD1	1:A:50:ARG:CD	0.86	2.23	14	4
1:A:62:THR:HB	1:A:79:PRO:HD3	0.86	1.45	4	3
1:A:4:GLN:O	1:A:18:PHE:HB3	0.86	1.71	19	2
1:A:44:ASN:CG	1:A:50:ARG:HD2	0.86	1.90	19	2
1:A:61:GLU:CA	1:A:61:GLU:OE1	0.86	2.22	18	3
1:A:38:HIS:O	1:A:92:VAL:CG2	0.86	2.21	2	2
1:A:74:GLN:HG2	1:A:75:GLY:N	0.86	1.86	3	3
1:A:50:ARG:NH1	1:A:51:THR:N	0.86	2.24	17	1
1:A:37:THR:CB	1:A:41:LYS:HD3	0.86	2.00	19	1
1:A:24:SER:HB3	1:A:73:TYR:CE2	0.86	2.06	6	3
1:A:63:HIS:CD2	1:A:63:HIS:O	0.86	2.27	2	1
1:A:35:ASN:CG	1:A:38:HIS:CE1	0.86	2.49	6	1
1:A:26:MET:HE1	1:A:73:TYR:CE2	0.86	2.04	12	1
1:A:74:GLN:HG3	1:A:77:TRP:CB	0.86	2.00	12	1
1:A:37:THR:O	1:A:41:LYS:HB3	0.86	1.68	2	13
1:A:93:TYR:CA	1:A:96:LEU:HD12	0.86	2.00	4	4
1:A:33:TRP:HZ3	1:A:62:THR:CB	0.86	1.84	7	5
1:A:74:GLN:CD	1:A:74:GLN:H	0.86	1.74	9	4
1:A:89:LYS:CG	1:A:90:PHE:N	0.86	2.35	7	3
1:A:8:ALA:CB	1:A:17:GLU:CD	0.86	2.44	7	4
1:A:40:LEU:HG	1:A:57:GLU:OE2	0.86	1.71	7	1
1:A:44:ASN:N	1:A:44:ASN:OD1	0.86	2.09	13	1
1:A:26:MET:HB3	1:A:74:GLN:OE1	0.86	1.70	16	3
1:A:16:TYR:CD1	1:A:27:LYS:HG2	0.86	2.05	4	1
1:A:50:ARG:HD3	1:A:54:LEU:HG	0.86	1.46	4	1
1:A:35:ASN:HA	1:A:77:TRP:HA	0.86	1.46	9	16
1:A:5:ILE:CD1	1:A:99:LEU:CB	0.86	2.53	13	2
1:A:50:ARG:NE	1:A:50:ARG:HA	0.86	1.84	10	1
1:A:34:VAL:HG13	1:A:39:ILE:HD13	0.86	1.48	18	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:70:PHE:CD1	1:A:70:PHE:C	0.86	2.43	10	2
1:A:66:VAL:HG12	1:A:77:TRP:CZ2	0.86	2.06	7	2
1:A:66:VAL:CG2	1:A:75:GLY:N	0.86	2.39	6	9
1:A:34:VAL:CG1	1:A:83:ALA:HB3	0.86	1.96	6	2
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:HG3	0.86	1.46	16	1
1:A:35:ASN:HB2	1:A:74:GLN:CB	0.86	2.00	5	3
1:A:50:ARG:CZ	1:A:50:ARG:HA	0.86	2.01	13	1
1:A:71:GLY:HA3	1:A:74:GLN:OE1	0.86	1.70	13	3
1:A:96:LEU:HA	1:A:99:LEU:HD12	0.86	1.48	4	1
1:A:99:LEU:HD23	1:A:100:PHE:N	0.86	1.86	18	2
1:A:66:VAL:C	1:A:67:GLN:NE2	0.86	2.28	12	3
1:A:28:ARG:CG	1:A:33:TRP:CE2	0.86	2.58	12	2
1:A:13:VAL:CG1	1:A:29:LYS:HB3	0.85	1.98	6	2
1:A:6:TYR:CE1	1:A:7:SER:O	0.85	2.28	11	1
1:A:92:VAL:HB	1:A:96:LEU:HG	0.85	1.45	10	9
1:A:66:VAL:HB	1:A:71:GLY:CA	0.85	2.01	9	3
1:A:66:VAL:HG11	1:A:74:GLN:NE2	0.85	1.84	1	1
1:A:92:VAL:HG13	1:A:95:GLN:HB2	0.85	1.47	1	3
1:A:51:THR:O	1:A:55:GLU:CB	0.85	2.23	8	8
1:A:18:PHE:CE1	1:A:20:HIS:ND1	0.85	2.43	8	1
1:A:16:TYR:CD1	1:A:16:TYR:N	0.85	2.39	9	6
1:A:14:ASP:O	1:A:29:LYS:N	0.85	2.09	14	7
1:A:33:TRP:CZ3	1:A:62:THR:CB	0.85	2.58	7	5
1:A:84:LYS:O	1:A:88:GLU:CG	0.85	2.24	18	12
1:A:6:TYR:C	1:A:17:GLU:HG3	0.85	1.91	8	3
1:A:25:ILE:HD11	1:A:38:HIS:HB3	0.85	1.47	2	1
1:A:116:LYS:HD2	1:A:117:HIS:N	0.85	1.87	9	1
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:CE	0.85	2.44	8	2
1:A:122:LYS:C	1:A:122:LYS:HE3	0.85	1.91	6	1
1:A:44:ASN:OD1	1:A:44:ASN:N	0.85	2.06	8	1
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:HB3	0.85	2.01	4	17
1:A:44:ASN:HB2	1:A:50:ARG:NH1	0.85	1.86	10	5
1:A:28:ARG:NH1	1:A:28:ARG:CG	0.85	2.39	13	2
1:A:9:ARG:O	1:A:9:ARG:HD3	0.85	1.70	11	1
1:A:22:THR:HG22	1:A:38:HIS:NE2	0.85	1.87	6	1
1:A:96:LEU:HD23	1:A:96:LEU:H	0.85	1.10	6	1
1:A:15:VAL:CG2	1:A:26:MET:HG2	0.85	2.01	10	5
1:A:119:HIS:O	1:A:120:ALA:O	0.85	1.94	9	6
1:A:21:SER:HB3	1:A:42:ALA:HA	0.85	1.48	1	8
1:A:8:ALA:HB1	1:A:10:TYR:HE2	0.85	1.19	19	2
1:A:9:ARG:HB2	1:A:14:ASP:HA	0.85	1.47	6	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:ILE:HG23	1:A:18:PHE:HE1	0.85	1.31	2	1
1:A:66:VAL:HG21	1:A:72:LYS:H	0.85	1.30	12	2
1:A:8:ALA:HB1	1:A:26:MET:CE	0.85	2.01	10	2
1:A:66:VAL:HG21	1:A:74:GLN:CG	0.85	2.01	10	1
1:A:44:ASN:ND2	1:A:50:ARG:CD	0.85	2.39	11	4
1:A:40:LEU:C	1:A:44:ASN:HD21	0.85	1.75	19	8
1:A:71:GLY:O	1:A:74:GLN:HG3	0.85	1.70	4	3
1:A:20:HIS:CG	1:A:25:ILE:HD11	0.85	2.04	12	4
1:A:64:GLU:O	1:A:77:TRP:CD1	0.85	2.29	9	4
1:A:97:LYS:N	1:A:98:PRO:CD	0.85	2.39	15	10
1:A:10:TYR:CD2	1:A:26:MET:HE1	0.85	2.06	13	1
1:A:47:LYS:CB	1:A:47:LYS:NZ	0.85	2.39	16	2
1:A:16:TYR:CD2	1:A:18:PHE:CE2	0.85	2.65	3	2
1:A:57:GLU:CD	1:A:86:LEU:HD11	0.85	1.92	6	1
1:A:33:TRP:HZ3	1:A:62:THR:CG2	0.85	1.79	4	6
1:A:49:LYS:HE2	1:A:53:ILE:CG1	0.85	2.01	12	2
1:A:24:SER:CB	1:A:73:TYR:CD2	0.85	2.60	13	3
1:A:55:GLU:HA	1:A:55:GLU:OE1	0.85	1.72	16	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:96:LEU:HD11	0.85	2.07	16	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:95:GLN:O	0.85	2.30	8	1
1:A:44:ASN:ND2	1:A:50:ARG:NE	0.85	2.25	1	4
1:A:59:LEU:HD23	1:A:59:LEU:C	0.85	1.92	1	1
1:A:27:LYS:HG3	1:A:32:ASP:C	0.85	1.92	9	2
1:A:15:VAL:CG1	1:A:26:MET:C	0.85	2.45	11	1
1:A:54:LEU:HD13	1:A:58:VAL:CG2	0.85	1.98	11	1
1:A:81:ASN:OD1	1:A:82:ILE:N	0.85	2.10	6	2
1:A:66:VAL:CG1	1:A:77:TRP:CH2	0.85	2.60	6	4
1:A:117:HIS:ND1	1:A:117:HIS:C	0.85	2.30	19	1
1:A:34:VAL:CG2	1:A:39:ILE:CD1	0.85	2.55	6	3
1:A:41:LYS:N	1:A:50:ARG:HE	0.85	1.67	4	2
1:A:61:GLU:HA	1:A:61:GLU:OE1	0.85	1.69	12	1
1:A:35:ASN:CB	1:A:74:GLN:HA	0.84	2.01	11	8
1:A:71:GLY:O	1:A:74:GLN:NE2	0.84	2.10	13	4
1:A:89:LYS:HG2	1:A:90:PHE:CD1	0.84	2.07	2	1
1:A:25:ILE:HD13	1:A:38:HIS:CD2	0.84	2.05	3	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:27:LYS:CD	0.84	2.59	6	1
1:A:61:GLU:CG	1:A:82:ILE:HD12	0.84	2.02	16	1
1:A:94:ASP:O	1:A:97:LYS:CG	0.84	2.24	17	2
1:A:20:HIS:HE1	1:A:96:LEU:HD23	0.84	1.03	5	1
1:A:88:GLU:CB	1:A:100:PHE:CE2	0.84	2.60	11	6
1:A:16:TYR:CD1	1:A:27:LYS:HE2	0.84	2.04	4	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:50:ARG:NH1	1:A:50:ARG:CG	0.84	2.40	4	1
1:A:49:LYS:HE3	1:A:49:LYS:CA	0.84	2.01	6	2
1:A:57:GLU:OE2	1:A:86:LEU:HG	0.84	1.71	18	1
1:A:5:ILE:HG22	1:A:5:ILE:O	0.84	1.70	5	4
1:A:66:VAL:CG1	1:A:70:PHE:C	0.84	2.45	5	2
1:A:55:GLU:C	1:A:59:LEU:HB2	0.84	1.92	3	5
1:A:55:GLU:CD	1:A:56:LYS:N	0.84	2.30	10	2
1:A:40:LEU:HB3	1:A:41:LYS:HE3	0.84	1.49	6	1
1:A:34:VAL:HG13	1:A:83:ALA:CB	0.84	2.02	6	1
1:A:15:VAL:HG23	1:A:27:LYS:O	0.84	1.71	8	2
1:A:15:VAL:HG12	1:A:27:LYS:C	0.84	1.92	14	4
1:A:28:ARG:CD	1:A:77:TRP:CE3	0.84	2.60	14	3
1:A:27:LYS:CE	1:A:34:VAL:HG22	0.84	2.02	14	1
1:A:62:THR:CG2	1:A:62:THR:O	0.84	2.24	14	1
1:A:4:GLN:NE2	1:A:6:TYR:OH	0.84	2.09	1	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:20:HIS:CE1	0.84	2.64	13	2
1:A:64:GLU:CB	1:A:77:TRP:CZ2	0.84	2.57	13	1
1:A:6:TYR:C	1:A:17:GLU:HG2	0.84	1.93	9	2
1:A:10:TYR:CE1	1:A:15:VAL:HG11	0.84	2.07	17	1
1:A:28:ARG:O	1:A:32:ASP:N	0.84	2.10	4	15
1:A:59:LEU:HD22	1:A:63:HIS:NE2	0.84	1.87	17	2
1:A:25:ILE:HA	1:A:35:ASN:ND2	0.84	1.87	2	3
1:A:66:VAL:HG21	1:A:74:GLN:HB2	0.84	1.48	9	2
1:A:28:ARG:HD3	1:A:77:TRP:CE3	0.84	2.08	15	2
1:A:32:ASP:O	1:A:80:LEU:N	0.84	2.11	19	5
1:A:19:ILE:HD12	1:A:24:SER:CA	0.84	2.03	15	5
1:A:26:MET:HB3	1:A:74:GLN:HB3	0.84	1.49	1	2
1:A:99:LEU:O	1:A:99:LEU:CD1	0.84	2.25	11	3
1:A:33:TRP:N	1:A:33:TRP:CD1	0.84	2.44	5	7
1:A:16:TYR:HD2	1:A:27:LYS:CD	0.84	1.86	5	3
1:A:15:VAL:HG23	1:A:26:MET:SD	0.84	2.13	7	1
1:A:84:LYS:HG3	1:A:88:GLU:OE1	0.84	1.73	13	3
1:A:59:LEU:CA	1:A:63:HIS:CB	0.84	2.55	4	1
1:A:61:GLU:CD	1:A:82:ILE:HG21	0.84	1.92	16	2
1:A:7:SER:HA	1:A:16:TYR:HA	0.84	1.48	17	11
1:A:41:LYS:HD3	1:A:50:ARG:HG2	0.84	1.50	6	1
1:A:66:VAL:HG11	1:A:74:GLN:HG2	0.84	1.47	16	1
1:A:18:PHE:HE2	1:A:98:PRO:CG	0.84	1.81	8	2
1:A:10:TYR:N	1:A:10:TYR:CD1	0.84	2.46	5	5
1:A:28:ARG:CD	1:A:77:TRP:CD2	0.84	2.60	5	1
1:A:22:THR:CB	1:A:41:LYS:HE3	0.84	2.02	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:GLU:O	1:A:57:GLU:OE1	0.84	1.96	9	1
1:A:25:ILE:CG2	1:A:38:HIS:HB3	0.84	2.02	16	1
1:A:26:MET:H	1:A:74:GLN:CD	0.84	1.76	6	3
1:A:50:ARG:HH11	1:A:54:LEU:HD11	0.84	1.32	5	1
1:A:66:VAL:CG1	1:A:77:TRP:CZ2	0.84	2.60	9	5
1:A:9:ARG:HB2	1:A:14:ASP:HB2	0.84	1.48	2	6
1:A:15:VAL:HG11	1:A:26:MET:HG2	0.84	1.49	11	1
1:A:6:TYR:N	1:A:17:GLU:O	0.83	2.11	8	7
1:A:38:HIS:O	1:A:42:ALA:HB3	0.83	1.72	17	17
1:A:58:VAL:HG12	1:A:63:HIS:HB3	0.83	1.47	5	2
1:A:18:PHE:CZ	1:A:25:ILE:O	0.83	2.30	17	3
1:A:70:PHE:N	1:A:70:PHE:CD1	0.83	2.37	13	5
1:A:28:ARG:NH1	1:A:33:TRP:CH2	0.83	2.45	6	1
1:A:86:LEU:O	1:A:89:LYS:HG3	0.83	1.73	17	1
1:A:19:ILE:CA	1:A:23:GLY:O	0.83	2.26	3	19
1:A:62:THR:CB	1:A:79:PRO:CG	0.83	2.55	16	2
1:A:66:VAL:CG2	1:A:77:TRP:HE1	0.83	1.81	5	1
1:A:99:LEU:C	1:A:99:LEU:HD13	0.83	1.93	2	1
1:A:50:ARG:CA	1:A:54:LEU:HG	0.83	2.02	18	1
1:A:66:VAL:CG2	1:A:72:LYS:CA	0.83	2.57	7	6
1:A:79:PRO:HG2	1:A:82:ILE:HG12	0.83	1.47	11	2
1:A:54:LEU:O	1:A:58:VAL:HG22	0.83	1.69	15	2
1:A:28:ARG:NH1	1:A:30:LYS:HZ1	0.83	1.60	7	1
1:A:15:VAL:HG12	1:A:28:ARG:CA	0.83	2.04	3	5
1:A:44:ASN:HD21	1:A:50:ARG:CZ	0.83	1.83	5	1
1:A:66:VAL:HG23	1:A:77:TRP:HE1	0.83	1.24	5	1
1:A:14:ASP:CB	1:A:29:LYS:HE2	0.83	2.04	8	2
1:A:18:PHE:CE1	1:A:27:LYS:HD3	0.83	2.09	5	1
1:A:57:GLU:OE2	1:A:86:LEU:CD2	0.83	2.27	13	2
1:A:117:HIS:CD2	1:A:118:HIS:CE1	0.83	2.67	4	1
1:A:61:GLU:OE1	1:A:82:ILE:HD12	0.83	1.70	3	2
1:A:5:ILE:CG1	1:A:99:LEU:HA	0.83	2.03	15	1
1:A:15:VAL:HG13	1:A:27:LYS:N	0.83	1.72	11	1
1:A:28:ARG:CB	1:A:33:TRP:HE1	0.83	1.85	18	1
1:A:85:GLN:HA	1:A:88:GLU:CD	0.83	1.93	2	2
1:A:16:TYR:CG	1:A:27:LYS:CE	0.83	2.60	4	1
1:A:99:LEU:CD2	1:A:100:PHE:N	0.83	2.40	18	2
1:A:55:GLU:OE2	1:A:56:LYS:N	0.83	2.12	10	1
1:A:18:PHE:HD1	1:A:19:ILE:N	0.83	1.71	14	3
1:A:72:LYS:NZ	1:A:73:TYR:HE1	0.83	1.72	12	3
1:A:68:GLY:HA3	1:A:70:PHE:CZ	0.83	2.09	15	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:64:GLU:CB	1:A:77:TRP:O	0.83	2.25	9	1
1:A:72:LYS:HB3	1:A:72:LYS:HZ3	0.83	1.34	6	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:96:LEU:HD22	0.83	2.09	16	1
1:A:96:LEU:HD13	1:A:99:LEU:CD1	0.83	2.02	16	1
1:A:20:HIS:CG	1:A:25:ILE:HD12	0.83	2.03	12	1
1:A:4:GLN:NE2	1:A:6:TYR:CE2	0.83	2.47	1	1
1:A:9:ARG:CZ	1:A:9:ARG:CB	0.83	2.57	5	1
1:A:6:TYR:N	1:A:18:PHE:CD1	0.83	2.45	4	2
1:A:118:HIS:O	1:A:118:HIS:ND1	0.83	2.11	4	1
1:A:64:GLU:C	1:A:77:TRP:NE1	0.83	2.31	9	1
1:A:80:LEU:HD22	1:A:81:ASN:N	0.83	1.88	9	1
1:A:13:VAL:HG13	1:A:30:LYS:CE	0.83	2.04	13	1
1:A:16:TYR:CG	1:A:27:LYS:HB3	0.83	2.07	3	2
1:A:41:LYS:HD3	1:A:50:ARG:CG	0.83	2.03	6	1
1:A:25:ILE:HB	1:A:27:LYS:HZ3	0.83	1.31	16	1
1:A:4:GLN:CD	1:A:6:TYR:OH	0.82	2.16	1	1
1:A:49:LYS:HB3	1:A:50:ARG:NH2	0.82	1.88	5	3
1:A:16:TYR:HD2	1:A:27:LYS:CE	0.82	1.86	3	3
1:A:63:HIS:C	1:A:63:HIS:CD2	0.82	2.50	19	2
1:A:25:ILE:HG23	1:A:35:ASN:ND2	0.82	1.88	15	4
1:A:65:LYS:C	1:A:67:GLN:OE1	0.82	2.17	9	1
1:A:41:LYS:HD3	1:A:54:LEU:HD13	0.82	1.49	6	1
1:A:50:ARG:HD3	1:A:50:ARG:O	0.82	1.74	6	1
1:A:99:LEU:HD23	1:A:99:LEU:C	0.82	1.91	5	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:38:HIS:NE2	0.82	2.46	7	1
1:A:31:ASP:O	1:A:32:ASP:HB3	0.82	1.74	2	2
1:A:79:PRO:HB2	1:A:82:ILE:HG22	0.82	1.48	15	3
1:A:87:ALA:HB1	1:A:91:SER:OG	0.82	1.73	10	1
1:A:46:ALA:HA	1:A:50:ARG:CG	0.82	2.04	14	6
1:A:58:VAL:HG21	1:A:76:THR:HG22	0.82	0.83	7	2
1:A:25:ILE:HG13	1:A:38:HIS:HB2	0.82	1.51	7	2
1:A:92:VAL:HB	1:A:96:LEU:HD13	0.82	0.84	7	1
1:A:36:ALA:CB	1:A:58:VAL:CG2	0.82	2.57	4	1
1:A:40:LEU:HD21	1:A:53:ILE:CG2	0.82	2.02	18	2
1:A:6:TYR:HD1	1:A:7:SER:N	0.82	1.67	11	1
1:A:62:THR:HG23	1:A:79:PRO:CD	0.82	2.04	8	1
1:A:15:VAL:CG2	1:A:26:MET:HG3	0.82	2.04	1	2
1:A:35:ASN:N	1:A:77:TRP:HA	0.82	1.90	17	9
1:A:18:PHE:CD1	1:A:25:ILE:O	0.82	2.31	5	3
1:A:58:VAL:HG21	1:A:63:HIS:HB2	0.82	1.49	19	3
1:A:16:TYR:CZ	1:A:18:PHE:CD2	0.82	2.65	15	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:87:ALA:HB1	1:A:91:SER:HG	0.82	1.34	10	1
1:A:8:ALA:CB	1:A:26:MET:HE2	0.82	2.04	17	2
1:A:56:LYS:HD2	1:A:60:LYS:NZ	0.82	1.89	6	1
1:A:19:ILE:N	1:A:19:ILE:CD1	0.82	2.43	12	4
1:A:14:ASP:CB	1:A:29:LYS:HB2	0.82	2.04	14	2
1:A:24:SER:OG	1:A:73:TYR:CD2	0.82	2.32	13	4
1:A:92:VAL:CG1	1:A:95:GLN:HB2	0.82	2.05	3	5
1:A:97:LYS:HG2	1:A:98:PRO:HD3	0.82	1.48	12	3
1:A:5:ILE:HA	1:A:17:GLU:O	0.82	1.74	16	1
1:A:18:PHE:CD1	1:A:19:ILE:N	0.82	2.48	14	6
1:A:49:LYS:HB3	1:A:50:ARG:CZ	0.82	2.03	18	2
1:A:16:TYR:C	1:A:16:TYR:HD1	0.82	1.75	3	1
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:LYS:HG2	0.82	1.50	9	3
1:A:49:LYS:O	1:A:53:ILE:HG23	0.82	1.75	17	2
1:A:54:LEU:C	1:A:58:VAL:HG23	0.82	1.94	3	8
1:A:37:THR:O	1:A:42:ALA:N	0.82	2.12	17	15
1:A:41:LYS:N	1:A:50:ARG:NE	0.82	2.28	4	1
1:A:14:ASP:OD2	1:A:29:LYS:HE2	0.82	1.71	8	2
1:A:25:ILE:HG23	1:A:35:ASN:HB3	0.82	1.49	16	2
1:A:44:ASN:O	1:A:44:ASN:OD1	0.82	1.98	14	3
1:A:41:LYS:CA	1:A:44:ASN:HD21	0.82	1.85	1	4
1:A:61:GLU:OE2	1:A:82:ILE:HD11	0.82	1.74	1	1
1:A:62:THR:HG21	1:A:79:PRO:HG3	0.82	1.52	4	4
1:A:9:ARG:C	1:A:10:TYR:CD1	0.82	2.53	5	8
1:A:41:LYS:HZ2	1:A:54:LEU:CD2	0.82	1.86	15	2
1:A:38:HIS:CD2	1:A:39:ILE:N	0.82	2.47	13	4
1:A:53:ILE:HG13	1:A:56:LYS:NZ	0.82	1.87	4	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:53:ILE:HG21	0.82	2.05	18	1
1:A:27:LYS:HE2	1:A:80:LEU:CB	0.82	2.04	18	1
1:A:26:MET:HG3	1:A:73:TYR:HB3	0.82	1.51	16	1
1:A:19:ILE:N	1:A:19:ILE:HD13	0.82	1.86	14	5
1:A:5:ILE:HA	1:A:18:PHE:HB2	0.82	1.52	13	3
1:A:41:LYS:HE2	1:A:41:LYS:O	0.82	1.74	1	1
1:A:99:LEU:HD22	1:A:100:PHE:HD1	0.82	1.23	3	2
1:A:57:GLU:O	1:A:61:GLU:HB2	0.82	1.74	9	3
1:A:9:ARG:CB	1:A:14:ASP:CA	0.82	2.57	2	5
1:A:16:TYR:CD1	1:A:27:LYS:CB	0.82	2.63	2	2
1:A:65:LYS:HG2	1:A:67:GLN:NE2	0.82	1.90	4	1
1:A:27:LYS:CD	1:A:32:ASP:C	0.82	2.47	9	1
1:A:81:ASN:O	1:A:85:GLN:HG2	0.82	1.74	18	1
1:A:92:VAL:HG12	1:A:96:LEU:HD11	0.82	1.48	12	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:39:ILE:HG12	1:A:87:ALA:HB2	0.82	1.51	1	10
1:A:35:ASN:HA	1:A:76:THR:O	0.82	1.74	16	5
1:A:84:LYS:HB2	1:A:100:PHE:CZ	0.82	2.10	17	5
1:A:73:TYR:CB	1:A:74:GLN:NE2	0.82	2.42	17	2
1:A:53:ILE:C	1:A:57:GLU:OE1	0.82	2.19	7	1
1:A:16:TYR:HD1	1:A:16:TYR:C	0.82	1.76	15	1
1:A:62:THR:CB	1:A:79:PRO:CD	0.81	2.58	4	3
1:A:92:VAL:CG1	1:A:96:LEU:HD13	0.81	1.97	7	1
1:A:36:ALA:HA	1:A:39:ILE:HG21	0.81	1.50	13	1
1:A:37:THR:HG21	1:A:41:LYS:CE	0.81	2.03	2	1
1:A:57:GLU:OE1	1:A:57:GLU:HA	0.81	1.73	15	2
1:A:44:ASN:C	1:A:44:ASN:OD1	0.81	2.18	14	5
1:A:96:LEU:HB3	1:A:99:LEU:CD2	0.81	2.05	19	4
1:A:28:ARG:NH1	1:A:30:LYS:HZ2	0.81	1.71	7	1
1:A:36:ALA:CA	1:A:39:ILE:CG2	0.81	2.58	13	1
1:A:36:ALA:CA	1:A:39:ILE:HG22	0.81	2.05	13	1
1:A:117:HIS:NE2	1:A:118:HIS:ND1	0.81	2.28	4	1
1:A:41:LYS:HE2	1:A:54:LEU:CD1	0.81	2.02	9	1
1:A:64:GLU:CG	1:A:77:TRP:CE3	0.81	2.63	14	3
1:A:40:LEU:HD12	1:A:53:ILE:HG22	0.81	1.52	1	2
1:A:44:ASN:HD21	1:A:50:ARG:NE	0.81	1.73	7	2
1:A:50:ARG:HD2	1:A:54:LEU:CD1	0.81	2.04	3	3
1:A:50:ARG:HD3	1:A:54:LEU:HD13	0.81	1.46	3	1
1:A:8:ALA:HB1	1:A:10:TYR:OH	0.81	1.75	5	1
1:A:71:GLY:C	1:A:74:GLN:HE22	0.81	1.79	18	2
1:A:38:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HB3	0.81	1.91	2	1
1:A:65:LYS:CB	1:A:67:GLN:OE1	0.81	2.28	9	1
1:A:40:LEU:HB3	1:A:54:LEU:CD2	0.81	2.06	11	1
1:A:5:ILE:O	1:A:5:ILE:HG12	0.81	1.75	16	1
1:A:79:PRO:O	1:A:82:ILE:HG12	0.81	1.75	12	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:44:ASN:ND2	0.81	2.43	14	1
1:A:36:ALA:O	1:A:40:LEU:N	0.81	2.13	10	17
1:A:32:ASP:OD2	1:A:80:LEU:HD23	0.81	1.74	7	2
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:HD2	0.81	2.10	7	2
1:A:20:HIS:HE1	1:A:96:LEU:CA	0.81	1.89	7	1
1:A:36:ALA:O	1:A:39:ILE:CG2	0.81	2.28	13	1
1:A:35:ASN:HB3	1:A:74:GLN:HA	0.81	1.53	2	5
1:A:61:GLU:C	1:A:62:THR:OG1	0.81	2.12	4	1
1:A:25:ILE:HG22	1:A:35:ASN:HB3	0.81	1.51	16	1
1:A:11:SER:HA	1:A:70:PHE:CE2	0.81	2.10	1	1
1:A:35:ASN:CG	1:A:74:GLN:HA	0.81	1.95	11	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:87:ALA:HA	1:A:91:SER:HG	0.81	1.33	17	7
1:A:54:LEU:CD2	1:A:58:VAL:HB	0.81	2.05	7	2
1:A:50:ARG:CZ	1:A:54:LEU:HB2	0.81	2.05	7	1
1:A:35:ASN:HA	1:A:77:TRP:CA	0.81	2.06	9	11
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:CE	0.81	2.63	5	3
1:A:50:ARG:NH1	1:A:54:LEU:CD1	0.81	2.44	5	1
1:A:80:LEU:CD1	1:A:84:LYS:HD3	0.81	2.06	10	2
1:A:38:HIS:HD2	1:A:39:ILE:N	0.81	1.74	13	3
1:A:35:ASN:HB3	1:A:74:GLN:O	0.81	1.76	17	3
1:A:40:LEU:CB	1:A:54:LEU:CD2	0.81	2.59	11	1
1:A:14:ASP:OD2	1:A:29:LYS:NZ	0.81	2.13	8	1
1:A:66:VAL:CG1	1:A:77:TRP:HE1	0.81	1.87	14	2
1:A:18:PHE:HE2	1:A:98:PRO:CB	0.81	1.89	8	2
1:A:26:MET:CE	1:A:71:GLY:HA2	0.81	2.05	1	5
1:A:18:PHE:CZ	1:A:27:LYS:CE	0.81	2.63	19	1
1:A:89:LYS:CG	1:A:90:PHE:H	0.81	1.89	7	2
1:A:92:VAL:HG12	1:A:96:LEU:H	0.81	1.33	2	1
1:A:6:TYR:N	1:A:18:PHE:HD1	0.81	1.74	4	2
1:A:99:LEU:CD2	1:A:100:PHE:CD1	0.81	2.60	3	1
1:A:44:ASN:CB	1:A:50:ARG:NH1	0.81	2.44	10	2
1:A:52:ARG:HH11	1:A:52:ARG:CG	0.81	1.89	2	2
1:A:38:HIS:C	1:A:38:HIS:HD2	0.81	1.79	4	1
1:A:6:TYR:O	1:A:18:PHE:HE1	0.81	1.59	3	2
1:A:20:HIS:HE1	1:A:95:GLN:CG	0.81	1.89	15	2
1:A:24:SER:HB3	1:A:73:TYR:CE1	0.81	2.10	7	2
1:A:10:TYR:CE2	1:A:26:MET:HE1	0.81	2.11	13	1
1:A:61:GLU:O	1:A:78:VAL:CG1	0.81	2.29	4	1
1:A:27:LYS:CD	1:A:32:ASP:CB	0.81	2.59	9	1
1:A:31:ASP:CG	1:A:33:TRP:CH2	0.81	2.55	18	1
1:A:42:ALA:CB	1:A:92:VAL:CG2	0.80	2.59	1	6
1:A:59:LEU:CA	1:A:63:HIS:CE1	0.80	2.64	1	2
1:A:56:LYS:HG3	1:A:57:GLU:N	0.80	1.91	5	2
1:A:14:ASP:CB	1:A:29:LYS:HG3	0.80	2.06	8	5
1:A:15:VAL:CG1	1:A:26:MET:CG	0.80	2.48	11	1
1:A:37:THR:HG22	1:A:41:LYS:CB	0.80	2.05	14	11
1:A:27:LYS:HA	1:A:33:TRP:O	0.80	1.75	17	11
1:A:38:HIS:CD2	1:A:96:LEU:HD22	0.80	2.09	9	2
1:A:72:LYS:HE3	1:A:72:LYS:N	0.80	1.91	19	1
1:A:35:ASN:OD1	1:A:37:THR:CB	0.80	2.29	10	4
1:A:41:LYS:HE2	1:A:41:LYS:N	0.80	1.92	15	1
1:A:16:TYR:C	1:A:18:PHE:HE1	0.80	1.79	10	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:TYR:CE2	1:A:17:GLU:CG	0.80	2.63	11	1
1:A:35:ASN:CB	1:A:38:HIS:ND1	0.80	2.45	6	2
1:A:52:ARG:NH1	1:A:52:ARG:CB	0.80	2.43	14	1
1:A:37:THR:HA	1:A:41:LYS:CB	0.80	2.05	17	9
1:A:50:ARG:CD	1:A:54:LEU:CG	0.80	2.58	4	1
1:A:8:ALA:O	1:A:15:VAL:HG22	0.80	1.75	9	3
1:A:34:VAL:O	1:A:78:VAL:HG22	0.80	1.77	1	9
1:A:26:MET:CA	1:A:74:GLN:HG2	0.80	2.06	8	5
1:A:20:HIS:ND1	1:A:25:ILE:HD13	0.80	1.92	1	1
1:A:99:LEU:CD1	1:A:99:LEU:C	0.80	2.40	19	3
1:A:94:ASP:O	1:A:97:LYS:CD	0.80	2.29	17	2
1:A:35:ASN:ND2	1:A:38:HIS:HB3	0.80	1.92	9	2
1:A:4:GLN:HE21	1:A:19:ILE:HG21	0.80	1.34	9	1
1:A:41:LYS:HD2	1:A:54:LEU:CD1	0.80	2.06	6	1
1:A:87:ALA:O	1:A:89:LYS:N	0.80	2.14	14	17
1:A:94:ASP:OD1	1:A:94:ASP:C	0.80	2.20	7	1
1:A:41:LYS:HZ1	1:A:54:LEU:HB2	0.80	1.35	9	1
1:A:82:ILE:HD12	1:A:83:ALA:CA	0.80	2.06	11	2
1:A:50:ARG:O	1:A:54:LEU:HG	0.80	1.76	18	1
1:A:92:VAL:O	1:A:94:ASP:N	0.80	2.15	14	14
1:A:52:ARG:HB3	1:A:52:ARG:NH1	0.80	1.91	14	1
1:A:119:HIS:H	1:A:119:HIS:CD2	0.80	1.91	5	2
1:A:72:LYS:HE3	1:A:73:TYR:N	0.80	1.92	19	2
1:A:50:ARG:NE	1:A:50:ARG:CA	0.80	2.41	10	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:53:ILE:HD11	0.80	2.00	10	1
1:A:26:MET:C	1:A:74:GLN:HG2	0.80	1.98	8	6
1:A:16:TYR:O	1:A:26:MET:HB3	0.80	1.77	19	1
1:A:62:THR:O	1:A:62:THR:CG2	0.80	2.30	18	1
1:A:35:ASN:OD1	1:A:35:ASN:C	0.80	2.20	8	1
1:A:74:GLN:N	1:A:74:GLN:NE2	0.80	2.30	17	3
1:A:50:ARG:CG	1:A:54:LEU:HD22	0.80	2.07	5	1
1:A:27:LYS:CG	1:A:32:ASP:C	0.80	2.50	9	1
1:A:64:GLU:HB3	1:A:77:TRP:CE2	0.80	2.11	9	4
1:A:26:MET:CB	1:A:74:GLN:OE1	0.80	2.29	2	2
1:A:41:LYS:HZ1	1:A:54:LEU:HD13	0.80	1.32	15	1
1:A:27:LYS:HD3	1:A:32:ASP:O	0.80	1.76	9	1
1:A:80:LEU:CD1	1:A:81:ASN:H	0.80	1.88	9	1
1:A:22:THR:HG22	1:A:38:HIS:HE2	0.80	1.37	6	1
1:A:26:MET:HB2	1:A:73:TYR:HB2	0.79	1.54	15	2
1:A:97:LYS:CG	1:A:98:PRO:CD	0.79	2.60	12	3
1:A:66:VAL:HG12	1:A:75:GLY:CA	0.79	2.05	13	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:64:GLU:CG	1:A:77:TRP:CH2	0.79	2.62	13	1
1:A:93:TYR:HA	1:A:96:LEU:HD11	0.79	1.53	10	1
1:A:86:LEU:HA	1:A:89:LYS:HD3	0.79	1.54	17	1
1:A:70:PHE:C	1:A:70:PHE:CD1	0.79	2.55	9	4
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:HD2	0.79	1.97	14	2
1:A:34:VAL:HG12	1:A:83:ALA:CB	0.79	2.08	1	4
1:A:39:ILE:HG22	1:A:40:LEU:CD1	0.79	2.05	7	2
1:A:17:GLU:O	1:A:18:PHE:CD1	0.79	2.35	15	1
1:A:34:VAL:CG2	1:A:39:ILE:HD13	0.79	2.06	6	1
1:A:74:GLN:H	1:A:74:GLN:NE2	0.79	1.75	14	3
1:A:26:MET:CA	1:A:74:GLN:HG3	0.79	2.07	7	3
1:A:5:ILE:CG2	1:A:18:PHE:CZ	0.79	2.62	15	1
1:A:6:TYR:CE1	1:A:7:SER:C	0.79	2.56	11	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:54:LEU:CD2	0.79	2.55	18	1
1:A:27:LYS:HZ3	1:A:117:HIS:CE1	0.79	1.93	12	1
1:A:20:HIS:HE1	1:A:96:LEU:N	0.79	1.76	2	3
1:A:94:ASP:HA	1:A:97:LYS:HE2	0.79	1.53	7	1
1:A:16:TYR:OH	1:A:29:LYS:HA	0.79	1.78	10	4
1:A:58:VAL:CG2	1:A:63:HIS:CD2	0.79	2.58	18	1
1:A:56:LYS:O	1:A:60:LYS:CD	0.79	2.29	6	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:46:ALA:HB2	0.79	1.93	17	1
1:A:44:ASN:O	1:A:50:ARG:NH2	0.79	2.16	14	3
1:A:81:ASN:N	1:A:81:ASN:OD1	0.79	2.15	3	2
1:A:31:ASP:CB	1:A:33:TRP:CZ3	0.79	2.65	16	2
1:A:37:THR:HG21	1:A:41:LYS:HE3	0.79	1.54	8	3
1:A:16:TYR:HD1	1:A:27:LYS:CG	0.79	1.88	4	1
1:A:40:LEU:HB3	1:A:41:LYS:HE2	0.79	1.52	15	1
1:A:28:ARG:NH1	1:A:33:TRP:CD1	0.79	2.50	8	1
1:A:72:LYS:HZ2	1:A:73:TYR:HE1	0.79	1.20	12	1
1:A:88:GLU:CB	1:A:100:PHE:HZ	0.79	1.91	14	2
1:A:55:GLU:O	1:A:59:LEU:N	0.79	2.16	2	14
1:A:119:HIS:CD2	1:A:119:HIS:O	0.79	2.36	11	2
1:A:117:HIS:CD2	1:A:117:HIS:C	0.79	2.54	3	2
1:A:20:HIS:CB	1:A:38:HIS:CD2	0.79	2.64	11	1
1:A:35:ASN:OD1	1:A:38:HIS:CE1	0.79	2.35	6	1
1:A:27:LYS:CE	1:A:34:VAL:HG23	0.79	2.08	16	1
1:A:93:TYR:C	1:A:93:TYR:HD1	0.79	1.81	2	3
1:A:66:VAL:HG11	1:A:75:GLY:N	0.79	1.92	16	2
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:HD3	0.79	2.08	11	2
1:A:13:VAL:CG2	1:A:30:LYS:HG2	0.79	2.06	2	2
1:A:85:GLN:HA	1:A:88:GLU:OE1	0.79	1.78	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:TYR:HE1	1:A:25:ILE:HG22	0.79	1.38	3	1
1:A:72:LYS:NZ	1:A:72:LYS:HB3	0.79	1.92	6	1
1:A:57:GLU:O	1:A:61:GLU:HB3	0.79	1.78	1	2
1:A:99:LEU:HD13	1:A:99:LEU:O	0.79	1.77	1	1
1:A:4:GLN:O	1:A:99:LEU:CD2	0.79	2.30	10	1
1:A:27:LYS:CG	1:A:32:ASP:CA	0.79	2.60	9	1
1:A:93:TYR:N	1:A:96:LEU:HD11	0.79	1.91	1	3
1:A:32:ASP:O	1:A:80:LEU:CB	0.79	2.30	7	8
1:A:16:TYR:HD2	1:A:27:LYS:CG	0.79	1.89	5	1
1:A:42:ALA:HB1	1:A:92:VAL:CG1	0.79	2.08	10	6
1:A:62:THR:O	1:A:77:TRP:O	0.79	2.00	4	1
1:A:29:LYS:NZ	1:A:29:LYS:HA	0.79	1.93	15	1
1:A:58:VAL:HG21	1:A:63:HIS:CB	0.79	2.05	18	1
1:A:62:THR:HG23	1:A:79:PRO:HD3	0.79	1.50	8	1
1:A:42:ALA:CB	1:A:92:VAL:HG11	0.79	2.08	10	4
1:A:41:LYS:HG2	1:A:46:ALA:HB2	0.79	1.53	19	1
1:A:5:ILE:HG12	1:A:99:LEU:HD13	0.79	1.52	15	2
1:A:59:LEU:HA	1:A:63:HIS:CG	0.78	2.13	1	3
1:A:39:ILE:CG2	1:A:40:LEU:HD12	0.78	2.08	5	1
1:A:25:ILE:HG13	1:A:38:HIS:CB	0.78	2.08	7	2
1:A:16:TYR:CD1	1:A:27:LYS:HB2	0.78	2.13	2	1
1:A:64:GLU:CB	1:A:77:TRP:CG	0.78	2.65	9	2
1:A:20:HIS:CD2	1:A:99:LEU:CD1	0.78	2.66	18	1
1:A:50:ARG:C	1:A:50:ARG:NH1	0.78	2.37	17	1
1:A:86:LEU:HD23	1:A:86:LEU:C	0.78	1.95	16	1
1:A:68:GLY:HA3	1:A:70:PHE:CE2	0.78	2.13	15	3
1:A:13:VAL:CG1	1:A:28:ARG:HH11	0.78	1.90	13	1
1:A:24:SER:HB3	1:A:73:TYR:CD2	0.78	2.12	13	3
1:A:26:MET:O	1:A:74:GLN:OE1	0.78	2.01	2	1
1:A:94:ASP:C	1:A:97:LYS:HD3	0.78	1.98	17	1
1:A:63:HIS:ND1	1:A:64:GLU:N	0.78	2.30	16	1
1:A:50:ARG:CZ	1:A:50:ARG:CA	0.78	2.61	13	2
1:A:25:ILE:CD1	1:A:25:ILE:N	0.78	2.46	19	2
1:A:71:GLY:C	1:A:74:GLN:NE2	0.78	2.37	18	5
1:A:5:ILE:HD13	1:A:99:LEU:CB	0.78	2.07	13	1
1:A:92:VAL:CG2	1:A:96:LEU:HD21	0.78	2.09	4	4
1:A:58:VAL:HB	1:A:63:HIS:CG	0.78	2.11	5	2
1:A:31:ASP:C	1:A:33:TRP:CD1	0.78	2.56	12	3
1:A:15:VAL:CG1	1:A:28:ARG:HA	0.78	2.09	3	5
1:A:50:ARG:HG2	1:A:54:LEU:HD21	0.78	1.55	5	1
1:A:14:ASP:OD2	1:A:29:LYS:CG	0.78	2.31	2	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:ILE:CG2	1:A:18:PHE:CE1	0.78	2.66	15	4
1:A:27:LYS:HD2	1:A:32:ASP:CB	0.78	2.09	9	1
1:A:28:ARG:CZ	1:A:33:TRP:CH2	0.78	2.67	6	1
1:A:88:GLU:C	1:A:93:TYR:HB2	0.78	1.98	14	3
1:A:92:VAL:HG12	1:A:96:LEU:HD21	0.78	0.79	14	4
1:A:61:GLU:CD	1:A:82:ILE:CD1	0.78	2.50	3	2
1:A:21:SER:OG	1:A:42:ALA:CB	0.78	2.32	19	6
1:A:42:ALA:CB	1:A:92:VAL:CG1	0.78	2.61	10	7
1:A:80:LEU:CD1	1:A:81:ASN:N	0.78	2.46	9	2
1:A:8:ALA:HB2	1:A:17:GLU:OE1	0.78	1.79	2	1
1:A:29:LYS:HZ3	1:A:29:LYS:HA	0.78	1.39	15	1
1:A:22:THR:HG23	1:A:38:HIS:ND1	0.78	1.92	11	1
1:A:42:ALA:HB3	1:A:92:VAL:HG11	0.78	1.53	18	1
1:A:40:LEU:HD21	1:A:86:LEU:HD21	0.78	1.54	6	1
1:A:25:ILE:HB	1:A:27:LYS:NZ	0.78	1.94	16	1
1:A:92:VAL:CG2	1:A:95:GLN:HB2	0.78	2.08	12	1
1:A:8:ALA:CB	1:A:10:TYR:CE1	0.78	2.67	5	1
1:A:39:ILE:HD13	1:A:40:LEU:CD2	0.78	2.08	13	1
1:A:33:TRP:HB3	1:A:78:VAL:C	0.78	1.98	11	4
1:A:6:TYR:CZ	1:A:17:GLU:HG3	0.78	2.14	11	1
1:A:41:LYS:CD	1:A:46:ALA:HB2	0.78	2.09	8	3
1:A:123:VAL:O	1:A:123:VAL:CG2	0.78	2.32	18	2
1:A:19:ILE:C	1:A:20:HIS:CD2	0.78	2.57	6	2
1:A:33:TRP:HZ3	1:A:62:THR:HG22	0.78	1.39	9	2
1:A:99:LEU:O	1:A:99:LEU:CD2	0.78	2.32	5	1
1:A:24:SER:C	1:A:25:ILE:HD12	0.78	1.98	19	1
1:A:65:LYS:HZ2	1:A:67:GLN:NE2	0.78	1.75	7	1
1:A:85:GLN:CA	1:A:88:GLU:OE2	0.78	2.31	2	1
1:A:31:ASP:OD1	1:A:33:TRP:CD2	0.78	2.36	4	1
1:A:41:LYS:CG	1:A:50:ARG:HG3	0.78	2.09	4	1
1:A:64:GLU:O	1:A:77:TRP:HD1	0.78	1.61	9	1
1:A:28:ARG:NE	1:A:77:TRP:CZ3	0.78	2.51	16	1
1:A:18:PHE:HE1	1:A:19:ILE:O	0.78	1.61	14	3
1:A:28:ARG:NH1	1:A:64:GLU:HG2	0.78	1.93	1	1
1:A:5:ILE:HD12	1:A:18:PHE:HD2	0.78	1.39	13	1
1:A:85:GLN:O	1:A:88:GLU:OE2	0.78	2.02	2	1
1:A:16:TYR:CE2	1:A:27:LYS:CB	0.78	2.57	15	4
1:A:16:TYR:CE2	1:A:27:LYS:HD2	0.78	2.14	10	1
1:A:21:SER:OG	1:A:42:ALA:HB2	0.78	1.79	6	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:50:ARG:CG	0.78	2.46	17	1
1:A:27:LYS:CD	1:A:34:VAL:HG23	0.78	2.08	8	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:6:TYR:HD2	1:A:17:GLU:CG	0.78	1.91	12	1
1:A:49:LYS:HE3	1:A:53:ILE:HG12	0.78	1.53	1	1
1:A:14:ASP:HB3	1:A:29:LYS:HG3	0.78	1.56	5	2
1:A:8:ALA:CB	1:A:10:TYR:HE1	0.78	1.92	5	2
1:A:66:VAL:HG12	1:A:77:TRP:HE1	0.77	1.37	14	2
1:A:28:ARG:NH2	1:A:64:GLU:HG2	0.77	1.94	1	1
1:A:18:PHE:N	1:A:25:ILE:O	0.77	2.16	3	2
1:A:26:MET:HE1	1:A:71:GLY:CA	0.77	2.09	11	1
1:A:28:ARG:NH2	1:A:33:TRP:CZ3	0.77	2.52	17	1
1:A:32:ASP:CB	1:A:80:LEU:HD22	0.77	2.08	16	1
1:A:28:ARG:CZ	1:A:64:GLU:HG2	0.77	2.09	1	1
1:A:14:ASP:C	1:A:14:ASP:OD1	0.77	2.23	6	3
1:A:6:TYR:OH	1:A:19:ILE:N	0.77	2.17	7	1
1:A:67:GLN:HA	1:A:67:GLN:OE1	0.77	1.78	7	1
1:A:57:GLU:O	1:A:61:GLU:OE1	0.77	2.01	2	1
1:A:36:ALA:CB	1:A:58:VAL:HG11	0.77	2.09	4	2
1:A:54:LEU:N	1:A:54:LEU:CD2	0.77	2.46	18	1
1:A:6:TYR:CB	1:A:17:GLU:O	0.77	2.32	14	4
1:A:96:LEU:H	1:A:96:LEU:HD23	0.77	1.34	8	4
1:A:84:LYS:CB	1:A:100:PHE:CZ	0.77	2.67	19	2
1:A:96:LEU:O	1:A:100:PHE:HB2	0.77	1.79	18	10
1:A:84:LYS:HE3	1:A:100:PHE:CD1	0.77	2.14	7	1
1:A:66:VAL:HG23	1:A:70:PHE:C	0.77	1.99	13	3
1:A:54:LEU:HA	1:A:58:VAL:CG2	0.77	2.08	4	2
1:A:33:TRP:CB	1:A:64:GLU:HG3	0.77	2.10	9	1
1:A:31:ASP:CA	1:A:33:TRP:HE1	0.77	1.91	12	3
1:A:39:ILE:CG2	1:A:40:LEU:HD23	0.77	2.05	17	1
1:A:27:LYS:HE3	1:A:34:VAL:HG23	0.77	1.56	16	1
1:A:25:ILE:HG13	1:A:38:HIS:CG	0.77	2.14	8	1
1:A:20:HIS:HD2	1:A:38:HIS:CG	0.77	1.98	19	1
1:A:118:HIS:CD2	1:A:118:HIS:N	0.77	2.52	19	1
1:A:96:LEU:HD23	1:A:99:LEU:HD21	0.77	1.56	7	1
1:A:13:VAL:HG11	1:A:28:ARG:HH11	0.77	1.38	13	2
1:A:16:TYR:CB	1:A:18:PHE:CE2	0.77	2.68	2	1
1:A:84:LYS:HB2	1:A:100:PHE:CE1	0.77	2.15	4	1
1:A:62:THR:CG2	1:A:79:PRO:CD	0.77	2.62	8	2
1:A:55:GLU:OE2	1:A:56:LYS:HA	0.77	1.77	10	1
1:A:5:ILE:C	1:A:6:TYR:HD1	0.77	1.80	10	1
1:A:6:TYR:HE1	1:A:7:SER:O	0.77	1.61	11	1
1:A:94:ASP:O	1:A:97:LYS:HD3	0.77	1.79	17	1
1:A:88:GLU:O	1:A:93:TYR:CD1	0.77	2.37	14	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:ALA:CB	1:A:17:GLU:CG	0.77	2.62	3	4
1:A:20:HIS:CE1	1:A:95:GLN:C	0.77	2.57	5	3
1:A:36:ALA:O	1:A:39:ILE:HG22	0.77	1.78	13	1
1:A:9:ARG:HG2	1:A:14:ASP:HA	0.77	1.45	2	1
1:A:87:ALA:CB	1:A:91:SER:HG	0.77	1.88	10	1
1:A:119:HIS:O	1:A:119:HIS:CG	0.77	2.37	11	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:25:ILE:HG22	0.77	2.14	18	3
1:A:46:ALA:HA	1:A:50:ARG:HG2	0.77	1.56	18	4
1:A:44:ASN:CB	1:A:50:ARG:CZ	0.77	2.62	8	3
1:A:47:LYS:CG	1:A:48:ALA:N	0.77	2.47	5	3
1:A:26:MET:HB2	1:A:74:GLN:HG2	0.77	1.56	19	1
1:A:65:LYS:NZ	1:A:67:GLN:HE21	0.77	1.78	7	1
1:A:39:ILE:CG2	1:A:87:ALA:CB	0.77	2.45	7	3
1:A:35:ASN:HB3	1:A:74:GLN:CA	0.77	2.09	11	6
1:A:33:TRP:HZ3	1:A:62:THR:HG1	0.77	1.18	15	2
1:A:86:LEU:CD1	1:A:86:LEU:O	0.77	2.32	11	2
1:A:38:HIS:NE2	1:A:92:VAL:HG11	0.77	1.95	14	2
1:A:72:LYS:O	1:A:72:LYS:CD	0.77	2.33	14	4
1:A:119:HIS:N	1:A:119:HIS:CD2	0.77	2.52	5	3
1:A:48:ALA:O	1:A:51:THR:OG1	0.77	2.03	5	1
1:A:59:LEU:HD13	1:A:59:LEU:O	0.77	1.78	5	5
1:A:38:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HD21	0.77	1.93	7	3
1:A:28:ARG:CD	1:A:77:TRP:CH2	0.77	2.67	15	3
1:A:80:LEU:C	1:A:80:LEU:HD13	0.77	1.98	10	1
1:A:11:SER:OG	1:A:70:PHE:CD1	0.77	2.37	12	1
1:A:40:LEU:HB3	1:A:44:ASN:ND2	0.77	1.95	10	3
1:A:19:ILE:HD12	1:A:24:SER:HA	0.77	1.54	15	4
1:A:14:ASP:CB	1:A:29:LYS:HD2	0.77	2.10	14	4
1:A:9:ARG:CG	1:A:9:ARG:O	0.77	2.31	9	5
1:A:36:ALA:HA	1:A:39:ILE:HG22	0.77	1.55	13	1
1:A:25:ILE:CA	1:A:35:ASN:ND2	0.77	2.47	2	1
1:A:41:LYS:HG3	1:A:46:ALA:HB2	0.77	1.54	3	4
1:A:57:GLU:OE1	1:A:86:LEU:CD2	0.77	2.31	15	2
1:A:82:ILE:HA	1:A:85:GLN:NE2	0.77	1.95	18	1
1:A:16:TYR:CG	1:A:27:LYS:HG3	0.77	2.09	16	1
1:A:58:VAL:HG11	1:A:63:HIS:CD2	0.77	2.14	8	1
1:A:58:VAL:CG2	1:A:63:HIS:CA	0.77	2.59	6	4
1:A:40:LEU:C	1:A:50:ARG:HE	0.77	1.82	4	1
1:A:72:LYS:HE3	1:A:73:TYR:CE1	0.77	2.14	11	1
1:A:89:LYS:NZ	1:A:89:LYS:CB	0.77	2.48	17	1
1:A:4:GLN:NE2	1:A:101:ASP:OD2	0.77	2.17	12	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:52:ARG:NH1	1:A:52:ARG:CG	0.77	2.46	2	2
1:A:20:HIS:HE1	1:A:95:GLN:C	0.77	1.82	5	2
1:A:84:LYS:HG2	1:A:100:PHE:CE1	0.77	2.14	16	2
1:A:88:GLU:CA	1:A:100:PHE:CE2	0.77	2.60	8	6
1:A:26:MET:HG3	1:A:74:GLN:NE2	0.77	1.95	19	1
1:A:54:LEU:O	1:A:58:VAL:N	0.77	2.16	7	11
1:A:90:PHE:N	1:A:90:PHE:CD1	0.77	2.49	2	2
1:A:90:PHE:HD1	1:A:90:PHE:O	0.77	1.61	15	2
1:A:6:TYR:HB2	1:A:17:GLU:HG2	0.77	1.52	9	1
1:A:16:TYR:CA	1:A:27:LYS:HG2	0.77	2.09	16	1
1:A:58:VAL:O	1:A:63:HIS:HB3	0.76	1.79	4	3
1:A:55:GLU:HA	1:A:59:LEU:HB2	0.76	1.55	3	3
1:A:24:SER:O	1:A:25:ILE:HD13	0.76	1.80	15	3
1:A:26:MET:CE	1:A:73:TYR:CE2	0.76	2.66	12	1
1:A:39:ILE:HG13	1:A:92:VAL:HG21	0.76	1.57	6	3
1:A:118:HIS:CD2	1:A:118:HIS:H	0.76	1.95	5	1
1:A:10:TYR:CE1	1:A:26:MET:HE1	0.76	2.14	10	2
1:A:26:MET:HB2	1:A:74:GLN:HB3	0.76	1.55	3	1
1:A:66:VAL:CB	1:A:71:GLY:HA3	0.76	2.10	9	2
1:A:50:ARG:HH12	1:A:53:ILE:CB	0.76	1.92	13	1
1:A:66:VAL:CG1	1:A:75:GLY:HA2	0.76	2.09	16	2
1:A:26:MET:HG3	1:A:73:TYR:CB	0.76	2.09	16	2
1:A:39:ILE:HG22	1:A:40:LEU:CD2	0.76	2.04	17	4
1:A:8:ALA:HB3	1:A:26:MET:CE	0.76	2.07	6	1
1:A:72:LYS:CE	1:A:73:TYR:CE1	0.76	2.67	15	4
1:A:34:VAL:CG1	1:A:78:VAL:CG2	0.76	2.63	1	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:25:ILE:HB	0.76	2.15	5	2
1:A:24:SER:O	1:A:25:ILE:HD12	0.76	1.79	19	2
1:A:41:LYS:HA	1:A:44:ASN:OD1	0.76	1.80	6	3
1:A:32:ASP:O	1:A:32:ASP:OD1	0.76	2.02	7	1
1:A:6:TYR:CD2	1:A:17:GLU:HB2	0.76	2.07	11	2
1:A:16:TYR:N	1:A:16:TYR:HD1	0.76	1.77	17	2
1:A:57:GLU:O	1:A:61:GLU:CD	0.76	2.22	17	1
1:A:28:ARG:NH1	1:A:33:TRP:CG	0.76	2.53	8	1
1:A:90:PHE:CD1	1:A:91:SER:N	0.76	2.53	13	2
1:A:20:HIS:CE1	1:A:96:LEU:CA	0.76	2.69	7	3
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:HD3	0.76	1.57	2	1
1:A:16:TYR:CE2	1:A:18:PHE:CE2	0.76	2.72	15	2
1:A:15:VAL:CG2	1:A:26:MET:CE	0.76	2.63	6	2
1:A:71:GLY:O	1:A:74:GLN:OE1	0.76	2.02	18	1
1:A:27:LYS:N	1:A:27:LYS:CD	0.76	2.48	16	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:117:HIS:HD1	1:A:117:HIS:C	0.76	1.83	19	1
1:A:28:ARG:HH11	1:A:30:LYS:CE	0.76	1.92	7	1
1:A:96:LEU:HD13	1:A:100:PHE:CE1	0.76	2.15	2	1
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:HE2	0.76	2.11	2	2
1:A:28:ARG:NE	1:A:30:LYS:HB2	0.76	1.95	11	1
1:A:86:LEU:CD1	1:A:86:LEU:C	0.76	2.53	11	2
1:A:5:ILE:O	1:A:5:ILE:CG1	0.76	2.33	16	1
1:A:74:GLN:CD	1:A:77:TRP:CE2	0.76	2.59	1	1
1:A:37:THR:HG22	1:A:41:LYS:HB3	0.76	1.54	4	8
1:A:93:TYR:HA	1:A:96:LEU:HD12	0.76	1.58	12	3
1:A:80:LEU:C	1:A:80:LEU:HD23	0.76	2.02	13	2
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:CD	0.76	2.69	7	4
1:A:96:LEU:CB	1:A:99:LEU:HD23	0.76	2.10	7	2
1:A:68:GLY:CA	1:A:70:PHE:CE1	0.76	2.68	17	1
1:A:27:LYS:HE3	1:A:34:VAL:HG22	0.76	1.57	14	1
1:A:28:ARG:HG2	1:A:77:TRP:CE3	0.76	2.15	5	1
1:A:6:TYR:CA	1:A:17:GLU:HG2	0.76	2.11	9	1
1:A:9:ARG:C	1:A:9:ARG:CD	0.76	2.54	9	2
1:A:74:GLN:HE21	1:A:75:GLY:N	0.76	1.79	4	3
1:A:50:ARG:CG	1:A:50:ARG:NH1	0.76	2.46	7	2
1:A:50:ARG:NH1	1:A:53:ILE:HB	0.76	1.95	13	1
1:A:59:LEU:CD2	1:A:63:HIS:CE1	0.76	2.68	13	2
1:A:27:LYS:CE	1:A:80:LEU:HB2	0.76	2.10	18	2
1:A:41:LYS:HZ1	1:A:50:ARG:CG	0.76	1.93	17	1
1:A:50:ARG:HH11	1:A:50:ARG:C	0.76	1.84	17	1
1:A:27:LYS:NZ	1:A:34:VAL:CG2	0.76	2.49	16	1
1:A:54:LEU:HD11	1:A:76:THR:CB	0.76	2.11	12	1
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:LYS:HB2	0.76	1.58	1	10
1:A:6:TYR:O	1:A:16:TYR:CB	0.76	2.33	5	3
1:A:40:LEU:HD23	1:A:53:ILE:HG22	0.76	1.57	3	2
1:A:37:THR:C	1:A:41:LYS:HB2	0.76	2.02	9	4
1:A:54:LEU:HD21	1:A:76:THR:HG21	0.76	1.55	10	4
1:A:9:ARG:HG2	1:A:13:VAL:C	0.76	2.00	2	1
1:A:20:HIS:HE1	1:A:99:LEU:CB	0.76	1.93	3	1
1:A:31:ASP:OD1	1:A:33:TRP:CZ2	0.76	2.38	18	1
1:A:40:LEU:C	1:A:44:ASN:HD22	0.75	1.85	10	6
1:A:62:THR:HG1	1:A:78:VAL:HG12	0.75	1.39	4	1
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:N	0.75	1.96	16	1
1:A:15:VAL:CG2	1:A:27:LYS:N	0.75	2.48	8	2
1:A:120:ALA:HB3	1:A:122:LYS:NZ	0.75	1.97	1	1
1:A:34:VAL:HG21	1:A:39:ILE:HD11	0.75	1.57	18	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:VAL:O	1:A:77:TRP:C	0.75	2.25	17	12
1:A:71:GLY:CA	1:A:74:GLN:HE21	0.75	1.94	9	2
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:CG	0.75	2.15	9	2
1:A:14:ASP:HB3	1:A:29:LYS:HD2	0.75	1.57	11	1
1:A:61:GLU:HG2	1:A:82:ILE:HD12	0.75	1.56	16	1
1:A:92:VAL:CG2	1:A:96:LEU:HG	0.75	2.10	16	1
1:A:18:PHE:CD1	1:A:18:PHE:C	0.75	2.59	16	3
1:A:26:MET:HG3	1:A:73:TYR:HB2	0.75	1.59	2	2
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:HE1	0.75	1.40	8	10
1:A:14:ASP:OD2	1:A:29:LYS:CD	0.75	2.32	8	3
1:A:9:ARG:C	1:A:9:ARG:HD3	0.75	2.01	11	2
1:A:96:LEU:HD11	1:A:99:LEU:CD1	0.75	2.08	16	1
1:A:41:LYS:CA	1:A:41:LYS:HE2	0.75	2.11	14	1
1:A:61:GLU:OE2	1:A:82:ILE:CD1	0.75	2.33	1	2
1:A:31:ASP:HB2	1:A:33:TRP:HE1	0.75	1.41	13	8
1:A:53:ILE:CA	1:A:57:GLU:OE1	0.75	2.35	7	1
1:A:50:ARG:NH2	1:A:54:LEU:HB2	0.75	1.96	7	1
1:A:89:LYS:HG3	1:A:90:PHE:N	0.75	1.96	7	1
1:A:14:ASP:HB2	1:A:29:LYS:HD2	0.75	1.57	15	2
1:A:34:VAL:C	1:A:77:TRP:CA	0.75	2.55	17	9
1:A:40:LEU:CA	1:A:44:ASN:HD21	0.75	1.93	19	3
1:A:13:VAL:HG11	1:A:30:LYS:H	0.75	1.41	2	2
1:A:47:LYS:CG	1:A:48:ALA:H	0.75	1.95	5	2
1:A:32:ASP:CG	1:A:80:LEU:CD2	0.75	2.47	5	1
1:A:10:TYR:CE2	1:A:26:MET:CE	0.75	2.70	13	2
1:A:20:HIS:CD2	1:A:25:ILE:CD1	0.75	2.70	6	3
1:A:16:TYR:CE1	1:A:27:LYS:CG	0.75	2.64	4	1
1:A:44:ASN:ND2	1:A:44:ASN:N	0.75	2.34	4	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:39:ILE:HD12	0.75	2.16	10	2
1:A:33:TRP:CZ3	1:A:64:GLU:OE2	0.75	2.40	9	1
1:A:40:LEU:CB	1:A:54:LEU:HD21	0.75	2.12	11	1
1:A:19:ILE:O	1:A:20:HIS:CD2	0.75	2.39	6	3
1:A:25:ILE:HD12	1:A:38:HIS:CE1	0.75	2.16	17	1
1:A:59:LEU:HD23	1:A:59:LEU:O	0.75	1.79	1	2
1:A:49:LYS:O	1:A:53:ILE:HG13	0.75	1.82	5	1
1:A:5:ILE:O	1:A:5:ILE:HG23	0.75	1.82	11	7
1:A:72:LYS:CD	1:A:73:TYR:CD1	0.75	2.70	15	3
1:A:80:LEU:O	1:A:84:LYS:CG	0.75	2.33	18	3
1:A:57:GLU:CG	1:A:86:LEU:CD1	0.75	2.65	6	2
1:A:14:ASP:HB3	1:A:29:LYS:HE2	0.75	1.58	8	1
1:A:14:ASP:OD1	1:A:14:ASP:C	0.75	2.23	8	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:LYS:CD	1:A:73:TYR:N	0.75	2.49	3	7
1:A:62:THR:O	1:A:79:PRO:HD3	0.75	1.82	9	2
1:A:40:LEU:HD11	1:A:53:ILE:CG2	0.75	2.12	12	1
1:A:73:TYR:HB2	1:A:74:GLN:OE1	0.74	1.79	11	3
1:A:28:ARG:NH1	1:A:77:TRP:CD1	0.74	2.54	5	1
1:A:17:GLU:HA	1:A:26:MET:HG2	0.74	1.59	19	1
1:A:97:LYS:CD	1:A:98:PRO:HD3	0.74	2.12	19	2
1:A:99:LEU:CG	1:A:100:PHE:CD1	0.74	2.69	7	1
1:A:96:LEU:HB3	1:A:99:LEU:HD21	0.74	1.55	19	1
1:A:5:ILE:CD1	1:A:18:PHE:HD2	0.74	1.93	13	1
1:A:57:GLU:CD	1:A:86:LEU:HD23	0.74	2.01	15	1
1:A:22:THR:HG21	1:A:38:HIS:ND1	0.74	1.97	11	1
1:A:28:ARG:CD	1:A:33:TRP:CE3	0.74	2.69	6	1
1:A:38:HIS:O	1:A:38:HIS:CD2	0.74	2.40	14	3
1:A:58:VAL:HG21	1:A:63:HIS:CG	0.74	2.15	18	1
1:A:123:VAL:O	1:A:123:VAL:HG23	0.74	1.81	6	2
1:A:35:ASN:CB	1:A:38:HIS:CE1	0.74	2.71	6	1
1:A:80:LEU:CD2	1:A:81:ASN:H	0.74	1.91	12	1
1:A:96:LEU:CD1	1:A:100:PHE:CZ	0.74	2.70	2	1
1:A:40:LEU:O	1:A:50:ARG:NH2	0.74	2.20	4	1
1:A:62:THR:O	1:A:79:PRO:CD	0.74	2.35	9	1
1:A:101:ASP:OD1	1:A:101:ASP:C	0.74	2.23	12	1
1:A:37:THR:C	1:A:41:LYS:HB3	0.74	2.03	2	12
1:A:14:ASP:HB3	1:A:29:LYS:HD3	0.74	1.57	7	3
1:A:20:HIS:CG	1:A:21:SER:N	0.74	2.53	11	3
1:A:62:THR:HB	1:A:79:PRO:CD	0.74	2.11	16	2
1:A:28:ARG:CZ	1:A:30:LYS:HE3	0.74	2.13	13	1
1:A:47:LYS:O	1:A:50:ARG:HD3	0.74	1.82	9	1
1:A:65:LYS:N	1:A:77:TRP:HE1	0.74	1.81	9	1
1:A:13:VAL:CG2	1:A:30:LYS:HD3	0.74	2.13	11	1
1:A:50:ARG:HH22	1:A:53:ILE:CB	0.74	1.95	8	1
1:A:18:PHE:HD1	1:A:18:PHE:C	0.74	1.85	16	3
1:A:26:MET:N	1:A:74:GLN:CG	0.74	2.50	6	5
1:A:87:ALA:CA	1:A:91:SER:CB	0.74	2.61	16	11
1:A:5:ILE:HD11	1:A:99:LEU:HD23	0.74	1.58	5	1
1:A:31:ASP:O	1:A:32:ASP:HB2	0.74	1.83	11	3
1:A:28:ARG:HD2	1:A:30:LYS:HE3	0.74	1.59	7	1
1:A:28:ARG:NH1	1:A:30:LYS:HE3	0.74	1.97	13	2
1:A:4:GLN:O	1:A:18:PHE:CE1	0.74	2.41	13	1
1:A:17:GLU:CA	1:A:25:ILE:O	0.74	2.35	3	5
1:A:41:LYS:HD3	1:A:46:ALA:HB2	0.74	1.60	17	4

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:82:ILE:HD12	1:A:83:ALA:H	0.74	1.41	11	1
1:A:97:LYS:HB2	1:A:98:PRO:HD3	0.74	1.57	17	5
1:A:5:ILE:HD11	1:A:99:LEU:CD2	0.74	2.12	5	1
1:A:22:THR:HB	1:A:41:LYS:HE3	0.74	1.58	2	2
1:A:20:HIS:HD2	1:A:38:HIS:CB	0.74	1.95	19	1
1:A:39:ILE:HG13	1:A:87:ALA:CB	0.74	2.12	9	6
1:A:97:LYS:CB	1:A:98:PRO:HD3	0.74	2.12	8	10
1:A:47:LYS:HG2	1:A:48:ALA:N	0.74	1.98	5	1
1:A:50:ARG:HH11	1:A:54:LEU:CD1	0.74	1.96	5	1
1:A:56:LYS:CG	1:A:57:GLU:N	0.74	2.50	19	2
1:A:33:TRP:C	1:A:78:VAL:O	0.74	2.25	3	11
1:A:24:SER:HB3	1:A:73:TYR:CZ	0.74	2.18	13	2
1:A:6:TYR:OH	1:A:17:GLU:HG3	0.74	1.83	11	1
1:A:81:ASN:HA	1:A:84:LYS:HD3	0.74	1.59	18	1
1:A:50:ARG:HD2	1:A:54:LEU:HD12	0.74	1.55	17	1
1:A:44:ASN:HD22	1:A:50:ARG:CZ	0.74	1.95	8	1
1:A:49:LYS:HE2	1:A:53:ILE:CD1	0.74	2.13	12	1
1:A:15:VAL:HG21	1:A:26:MET:HE3	0.74	1.57	1	3
1:A:31:ASP:OD1	1:A:33:TRP:CG	0.74	2.41	4	1
1:A:118:HIS:C	1:A:118:HIS:HD1	0.74	1.86	4	1
1:A:25:ILE:HD13	1:A:35:ASN:HB3	0.74	1.60	8	1
1:A:90:PHE:C	1:A:90:PHE:CD1	0.74	2.58	14	1
1:A:22:THR:OG1	1:A:41:LYS:CD	0.74	2.34	1	2
1:A:28:ARG:HB3	1:A:33:TRP:HD1	0.74	1.43	8	8
1:A:92:VAL:C	1:A:96:LEU:HD21	0.74	2.02	19	3
1:A:41:LYS:HE3	1:A:50:ARG:HG3	0.74	1.60	9	1
1:A:28:ARG:HD2	1:A:77:TRP:CH2	0.74	2.18	8	1
1:A:26:MET:H	1:A:74:GLN:HG3	0.73	1.41	6	7
1:A:31:ASP:HB3	1:A:33:TRP:CH2	0.73	2.14	5	2
1:A:16:TYR:O	1:A:18:PHE:CE1	0.73	2.41	12	6
1:A:96:LEU:CD2	1:A:96:LEU:H	0.73	1.93	19	2
1:A:33:TRP:CE3	1:A:62:THR:HG22	0.73	2.18	4	2
1:A:40:LEU:HG	1:A:53:ILE:HG22	0.73	1.60	12	2
1:A:54:LEU:HD23	1:A:58:VAL:HG21	0.73	1.58	10	2
1:A:20:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HD22	0.73	1.98	18	2
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:HE2	0.73	1.99	8	1
1:A:63:HIS:ND1	1:A:63:HIS:O	0.73	2.21	8	1
1:A:64:GLU:C	1:A:77:TRP:HE1	0.73	1.85	9	3
1:A:63:HIS:CG	1:A:63:HIS:O	0.73	2.41	12	7
1:A:4:GLN:O	1:A:6:TYR:CE1	0.73	2.41	7	2
1:A:20:HIS:HE1	1:A:42:ALA:CB	0.73	1.96	4	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:LEU:CA	1:A:58:VAL:HG23	0.73	2.13	4	2
1:A:54:LEU:HA	1:A:58:VAL:HG23	0.73	1.57	4	2
1:A:59:LEU:HA	1:A:63:HIS:HB3	0.73	1.59	4	1
1:A:40:LEU:CB	1:A:41:LYS:HE2	0.73	2.13	15	1
1:A:18:PHE:HB3	1:A:99:LEU:CD2	0.73	2.10	10	1
1:A:34:VAL:CG2	1:A:39:ILE:HD11	0.73	2.14	18	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:50:ARG:HA	0.73	1.98	6	1
1:A:5:ILE:HD11	1:A:99:LEU:CG	0.73	2.13	5	1
1:A:31:ASP:HB3	1:A:33:TRP:CZ3	0.73	2.17	16	2
1:A:8:ALA:HB3	1:A:17:GLU:HG2	0.73	1.60	3	1
1:A:27:LYS:HE2	1:A:80:LEU:HB3	0.73	1.59	18	1
1:A:84:LYS:HG2	1:A:88:GLU:OE1	0.73	1.83	8	1
1:A:26:MET:C	1:A:74:GLN:CG	0.73	2.56	7	2
1:A:16:TYR:CE2	1:A:18:PHE:HE2	0.73	2.00	3	2
1:A:25:ILE:CG1	1:A:38:HIS:CE1	0.73	2.70	12	2
1:A:40:LEU:CD1	1:A:57:GLU:OE1	0.73	2.36	18	1
1:A:49:LYS:HE2	1:A:53:ILE:HD11	0.73	1.60	12	1
1:A:64:GLU:HB3	1:A:77:TRP:HE1	0.73	1.42	1	10
1:A:35:ASN:HB2	1:A:74:GLN:HB3	0.73	1.59	5	1
1:A:99:LEU:CD2	1:A:100:PHE:CE1	0.73	2.71	7	1
1:A:14:ASP:CA	1:A:29:LYS:HG3	0.73	2.13	8	3
1:A:31:ASP:OD1	1:A:31:ASP:N	0.73	2.21	18	1
1:A:41:LYS:HZ3	1:A:50:ARG:HG3	0.73	1.43	17	1
1:A:44:ASN:CG	1:A:53:ILE:HD11	0.73	2.03	17	1
1:A:71:GLY:HA2	1:A:74:GLN:HE21	0.73	1.42	9	4
1:A:21:SER:C	1:A:41:LYS:NZ	0.73	2.42	1	1
1:A:41:LYS:N	1:A:44:ASN:HD21	0.73	1.80	1	4
1:A:97:LYS:O	1:A:101:ASP:HB2	0.73	1.82	7	1
1:A:74:GLN:NE2	1:A:77:TRP:CE3	0.73	2.56	2	1
1:A:15:VAL:HG12	1:A:27:LYS:H	0.73	1.37	11	1
1:A:40:LEU:HD13	1:A:54:LEU:HD22	0.73	1.58	18	1
1:A:62:THR:CG2	1:A:79:PRO:HG3	0.73	2.13	16	3
1:A:90:PHE:HD1	1:A:91:SER:N	0.73	1.79	13	1
1:A:80:LEU:CD2	1:A:81:ASN:N	0.73	2.51	12	5
1:A:85:GLN:C	1:A:88:GLU:OE2	0.73	2.27	2	1
1:A:20:HIS:HE1	1:A:92:VAL:HG11	0.73	1.41	4	1
1:A:60:LYS:HA	1:A:60:LYS:CE	0.73	2.11	18	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:99:LEU:HD12	0.73	2.18	16	1
1:A:5:ILE:HG12	1:A:99:LEU:HD22	0.73	1.60	12	1
1:A:26:MET:N	1:A:74:GLN:HG3	0.73	1.98	7	7
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:CE	0.73	2.12	1	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:28:ARG:HD2	1:A:77:TRP:CE2	0.73	2.19	5	1
1:A:94:ASP:C	1:A:94:ASP:OD1	0.73	2.27	13	1
1:A:42:ALA:CB	1:A:92:VAL:HG22	0.73	2.12	9	2
1:A:50:ARG:O	1:A:54:LEU:CG	0.73	2.35	18	1
1:A:63:HIS:CG	1:A:76:THR:HG22	0.73	2.19	8	1
1:A:59:LEU:O	1:A:59:LEU:HD22	0.73	1.83	12	1
1:A:35:ASN:ND2	1:A:37:THR:H	0.73	1.82	14	3
1:A:5:ILE:HD11	1:A:99:LEU:N	0.73	1.98	14	2
1:A:19:ILE:HA	1:A:23:GLY:C	0.73	2.04	12	15
1:A:20:HIS:CB	1:A:25:ILE:CD1	0.73	2.65	12	4
1:A:94:ASP:CG	1:A:95:GLN:N	0.73	2.42	4	4
1:A:27:LYS:CD	1:A:32:ASP:HA	0.73	2.13	9	1
1:A:35:ASN:O	1:A:37:THR:N	0.73	2.22	10	15
1:A:49:LYS:NZ	1:A:53:ILE:CG1	0.73	2.50	1	1
1:A:18:PHE:HZ	1:A:27:LYS:CD	0.73	1.96	5	2
1:A:71:GLY:CA	1:A:74:GLN:CD	0.73	2.58	13	4
1:A:84:LYS:HG2	1:A:85:GLN:N	0.73	1.99	12	4
1:A:117:HIS:N	1:A:117:HIS:CD2	0.73	2.54	16	2
1:A:79:PRO:HG2	1:A:82:ILE:HG13	0.73	1.61	11	1
1:A:72:LYS:HD3	1:A:72:LYS:O	0.72	1.82	14	2
1:A:78:VAL:HB	1:A:83:ALA:HB2	0.72	1.60	16	3
1:A:5:ILE:HD12	1:A:99:LEU:HA	0.72	1.60	5	1
1:A:20:HIS:NE2	1:A:42:ALA:CB	0.72	2.52	19	2
1:A:72:LYS:CE	1:A:73:TYR:N	0.72	2.51	19	2
1:A:36:ALA:HB1	1:A:58:VAL:CG2	0.72	2.14	4	1
1:A:52:ARG:HA	1:A:52:ARG:NE	0.72	1.96	4	1
1:A:92:VAL:HG23	1:A:96:LEU:HD11	0.72	1.61	4	2
1:A:25:ILE:HD12	1:A:35:ASN:ND2	0.72	1.99	15	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:96:LEU:HD21	0.72	2.19	16	2
1:A:41:LYS:HA	1:A:44:ASN:HD21	0.72	1.44	18	3
1:A:14:ASP:CB	1:A:29:LYS:HE3	0.72	2.12	18	1
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:HB2	0.72	2.13	9	5
1:A:20:HIS:ND1	1:A:38:HIS:CD2	0.72	2.57	7	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:54:LEU:HD22	0.72	1.98	15	1
1:A:31:ASP:HB3	1:A:33:TRP:HE1	0.72	1.44	6	1
1:A:59:LEU:CD1	1:A:59:LEU:C	0.72	2.56	5	6
1:A:92:VAL:C	1:A:96:LEU:CG	0.72	2.57	10	4
1:A:66:VAL:HG23	1:A:77:TRP:CZ2	0.72	2.02	5	1
1:A:44:ASN:CG	1:A:50:ARG:NH2	0.72	2.42	4	2
1:A:8:ALA:O	1:A:15:VAL:C	0.72	2.27	17	7
1:A:28:ARG:HB2	1:A:33:TRP:CB	0.72	2.14	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:ILE:O	1:A:6:TYR:CD1	0.72	2.42	10	2
1:A:49:LYS:HD2	1:A:53:ILE:HD12	0.72	1.60	7	1
1:A:21:SER:HB2	1:A:42:ALA:HA	0.72	1.60	8	6
1:A:16:TYR:CE2	1:A:27:LYS:HE3	0.72	2.18	4	1
1:A:72:LYS:CD	1:A:73:TYR:CE1	0.72	2.72	15	2
1:A:91:SER:OG	1:A:92:VAL:N	0.72	2.21	10	1
1:A:27:LYS:HG2	1:A:80:LEU:HD11	0.72	1.60	11	1
1:A:9:ARG:CB	1:A:14:ASP:HB2	0.72	2.13	6	2
1:A:22:THR:HB	1:A:38:HIS:CE1	0.72	2.18	8	1
1:A:28:ARG:HD2	1:A:77:TRP:CE3	0.72	2.20	5	2
1:A:28:ARG:HB3	1:A:33:TRP:HE1	0.72	1.44	9	3
1:A:38:HIS:ND1	1:A:39:ILE:CD1	0.72	2.51	1	2
1:A:96:LEU:HD13	1:A:100:PHE:CZ	0.72	2.18	2	1
1:A:66:VAL:HG21	1:A:75:GLY:N	0.72	1.99	2	4
1:A:33:TRP:HB3	1:A:64:GLU:HG3	0.72	1.62	9	1
1:A:17:GLU:O	1:A:17:GLU:HG3	0.72	1.85	12	2
1:A:41:LYS:HZ1	1:A:45:PHE:HA	0.72	1.42	14	2
1:A:62:THR:CB	1:A:79:PRO:HG3	0.72	2.14	16	3
1:A:31:ASP:HB3	1:A:33:TRP:CD1	0.72	2.19	12	3
1:A:71:GLY:CA	1:A:74:GLN:HE22	0.72	1.96	18	4
1:A:62:THR:HG21	1:A:79:PRO:CG	0.72	2.13	4	2
1:A:85:GLN:C	1:A:88:GLU:OE1	0.72	2.28	10	1
1:A:26:MET:HB3	1:A:74:GLN:HE21	0.72	1.44	6	1
1:A:16:TYR:N	1:A:27:LYS:HG2	0.72	1.99	16	1
1:A:14:ASP:OD1	1:A:29:LYS:HD3	0.72	1.83	8	1
1:A:52:ARG:HB2	1:A:52:ARG:CZ	0.72	2.14	14	1
1:A:25:ILE:HD12	1:A:38:HIS:HB2	0.72	1.61	5	1
1:A:74:GLN:NE2	1:A:74:GLN:H	0.72	1.81	9	4
1:A:96:LEU:CD2	1:A:99:LEU:CD2	0.72	2.63	7	1
1:A:63:HIS:NE2	1:A:76:THR:CG2	0.72	2.53	4	2
1:A:72:LYS:O	1:A:72:LYS:HD2	0.72	1.85	10	2
1:A:33:TRP:HZ3	1:A:62:THR:OG1	0.72	1.68	7	3
1:A:65:LYS:HB3	1:A:67:GLN:OE1	0.72	1.82	9	1
1:A:6:TYR:CZ	1:A:17:GLU:CG	0.72	2.72	11	1
1:A:44:ASN:O	1:A:45:PHE:HB3	0.72	1.82	7	1
1:A:38:HIS:HE1	1:A:99:LEU:HD23	0.72	1.44	13	1
1:A:25:ILE:HG12	1:A:35:ASN:ND2	0.72	1.99	2	4
1:A:20:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HD21	0.72	2.00	11	1
1:A:16:TYR:CB	1:A:27:LYS:HG3	0.72	2.05	16	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:99:LEU:HD23	0.72	2.18	12	1
1:A:18:PHE:CZ	1:A:27:LYS:HD2	0.72	2.19	6	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:TYR:CD1	1:A:27:LYS:CD	0.72	2.72	17	2
1:A:5:ILE:CD1	1:A:18:PHE:HB3	0.72	2.06	3	3
1:A:6:TYR:C	1:A:17:GLU:CG	0.72	2.57	8	3
1:A:25:ILE:HG13	1:A:38:HIS:NE2	0.72	2.00	6	2
1:A:50:ARG:CZ	1:A:50:ARG:HB3	0.72	2.13	17	1
1:A:92:VAL:CG2	1:A:95:GLN:CB	0.72	2.68	12	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:92:VAL:CG1	0.72	2.71	14	2
1:A:80:LEU:O	1:A:84:LYS:HG3	0.72	1.85	14	1
1:A:65:LYS:O	1:A:65:LYS:CG	0.72	2.38	5	1
1:A:66:VAL:HG11	1:A:71:GLY:N	0.72	1.99	5	1
1:A:54:LEU:HD13	1:A:55:GLU:CA	0.72	2.13	7	1
1:A:5:ILE:CG1	1:A:18:PHE:CE1	0.72	2.72	2	3
1:A:41:LYS:NZ	1:A:54:LEU:CG	0.72	2.49	15	2
1:A:20:HIS:HE1	1:A:95:GLN:CB	0.72	1.92	11	2
1:A:38:HIS:CD2	1:A:39:ILE:CD1	0.72	2.73	10	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:50:ARG:CD	0.72	2.52	17	1
1:A:66:VAL:HG13	1:A:72:LYS:CA	0.72	2.09	8	1
1:A:18:PHE:O	1:A:25:ILE:HG12	0.71	1.85	10	3
1:A:96:LEU:HD12	1:A:96:LEU:N	0.71	2.00	7	1
1:A:39:ILE:HG12	1:A:87:ALA:HB3	0.71	1.62	6	3
1:A:50:ARG:HA	1:A:54:LEU:HG	0.71	1.62	18	1
1:A:35:ASN:ND2	1:A:38:HIS:ND1	0.71	2.37	6	1
1:A:41:LYS:HD2	1:A:50:ARG:HB2	0.71	1.61	9	2
1:A:54:LEU:HD12	1:A:54:LEU:C	0.71	2.04	1	1
1:A:31:ASP:N	1:A:33:TRP:CE2	0.71	2.58	16	2
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:HB2	0.71	2.06	2	2
1:A:27:LYS:CE	1:A:80:LEU:CB	0.71	2.68	18	1
1:A:81:ASN:C	1:A:81:ASN:OD1	0.71	2.28	18	2
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:H	0.71	1.44	16	1
1:A:65:LYS:CD	1:A:65:LYS:H	0.71	1.98	12	1
1:A:54:LEU:HD12	1:A:76:THR:HG21	0.71	1.58	12	1
1:A:65:LYS:CA	1:A:75:GLY:O	0.71	2.39	5	4
1:A:61:GLU:OE2	1:A:78:VAL:HB	0.71	1.85	7	2
1:A:50:ARG:HA	1:A:54:LEU:HD13	0.71	1.63	5	1
1:A:28:ARG:HH11	1:A:30:LYS:NZ	0.71	1.83	7	1
1:A:10:TYR:CD2	1:A:26:MET:CE	0.71	2.73	13	1
1:A:20:HIS:HB2	1:A:38:HIS:CD2	0.71	2.20	8	2
1:A:22:THR:O	1:A:22:THR:CG2	0.71	2.38	10	4
1:A:16:TYR:CG	1:A:18:PHE:HZ	0.71	1.97	15	2
1:A:20:HIS:CE1	1:A:99:LEU:HD23	0.71	2.21	6	2
1:A:50:ARG:HG2	1:A:54:LEU:HD13	0.71	1.61	2	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:CG	0.71	2.57	9	3
1:A:88:GLU:HB3	1:A:100:PHE:HZ	0.71	1.43	11	2
1:A:17:GLU:O	1:A:18:PHE:HD1	0.71	1.66	15	2
1:A:87:ALA:CB	1:A:92:VAL:HG21	0.71	2.13	14	2
1:A:19:ILE:CD1	1:A:24:SER:HA	0.71	2.15	15	3
1:A:9:ARG:O	1:A:10:TYR:HD1	0.71	1.67	9	4
1:A:66:VAL:HG23	1:A:75:GLY:H	0.71	1.45	17	3
1:A:17:GLU:HG2	1:A:17:GLU:O	0.71	1.85	9	1
1:A:41:LYS:CE	1:A:50:ARG:HB2	0.71	2.16	9	1
1:A:41:LYS:HE3	1:A:50:ARG:HB2	0.71	1.61	9	1
1:A:13:VAL:HG22	1:A:30:LYS:HD3	0.71	1.61	11	1
1:A:62:THR:HB	1:A:79:PRO:HG2	0.71	1.59	16	1
1:A:101:ASP:C	1:A:101:ASP:OD1	0.71	2.28	8	1
1:A:79:PRO:CB	1:A:82:ILE:HG23	0.71	2.15	14	2
1:A:72:LYS:NZ	1:A:73:TYR:CE2	0.71	2.58	1	1
1:A:99:LEU:C	1:A:99:LEU:CD1	0.71	2.58	1	4
1:A:17:GLU:C	1:A:18:PHE:HD1	0.71	1.85	6	7
1:A:28:ARG:HB2	1:A:33:TRP:HB2	0.71	1.62	19	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:21:SER:OG	0.71	2.43	4	2
1:A:31:ASP:CG	1:A:33:TRP:HZ2	0.71	1.87	18	3
1:A:5:ILE:CG1	1:A:99:LEU:HD23	0.71	2.14	4	1
1:A:50:ARG:NH1	1:A:53:ILE:CD1	0.71	2.54	10	1
1:A:66:VAL:HG21	1:A:74:GLN:HG2	0.71	1.61	10	1
1:A:88:GLU:OE1	1:A:100:PHE:CE1	0.71	2.42	11	2
1:A:28:ARG:CG	1:A:33:TRP:HE1	0.71	1.99	18	1
1:A:60:LYS:NZ	1:A:60:LYS:CA	0.71	2.53	18	1
1:A:86:LEU:CD2	1:A:86:LEU:C	0.71	2.58	16	1
1:A:5:ILE:HD11	1:A:98:PRO:C	0.71	2.06	14	2
1:A:44:ASN:OD1	1:A:45:PHE:O	0.71	2.08	9	7
1:A:37:THR:O	1:A:41:LYS:HB2	0.71	1.86	15	4
1:A:74:GLN:HG3	1:A:77:TRP:HB3	0.71	1.61	12	1
1:A:18:PHE:O	1:A:24:SER:CA	0.71	2.38	16	11
1:A:50:ARG:CA	1:A:50:ARG:HE	0.71	1.98	10	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:99:LEU:HD13	0.71	2.21	18	1
1:A:9:ARG:HD2	1:A:9:ARG:O	0.71	1.86	18	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:46:ALA:CB	0.71	2.54	17	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:95:GLN:O	0.70	2.43	5	2
1:A:54:LEU:C	1:A:58:VAL:CG2	0.70	2.59	15	4
1:A:92:VAL:O	1:A:96:LEU:HD21	0.70	1.85	19	1
1:A:92:VAL:HG11	1:A:96:LEU:CG	0.70	2.12	11	2
1:A:92:VAL:CG1	1:A:96:LEU:H	0.70	1.98	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:74:GLN:CD	1:A:75:GLY:H	0.70	1.86	15	1
1:A:122:LYS:CE	1:A:122:LYS:CA	0.70	2.67	6	1
1:A:6:TYR:CA	1:A:17:GLU:HG3	0.70	2.15	8	1
1:A:60:LYS:C	1:A:61:GLU:OE1	0.70	2.29	18	2
1:A:20:HIS:HE1	1:A:92:VAL:CG1	0.70	1.98	4	2
1:A:5:ILE:HG13	1:A:99:LEU:HB2	0.70	1.62	7	2
1:A:27:LYS:HG2	1:A:34:VAL:HA	0.70	1.63	13	3
1:A:54:LEU:HD13	1:A:58:VAL:HG21	0.70	1.63	12	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:98:PRO:HB2	0.70	2.21	8	3
1:A:8:ALA:O	1:A:14:ASP:OD1	0.70	2.09	19	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:96:LEU:HD22	0.70	2.21	18	2
1:A:28:ARG:CZ	1:A:77:TRP:CZ2	0.70	2.74	15	1
1:A:28:ARG:NE	1:A:77:TRP:CZ2	0.70	2.60	15	1
1:A:66:VAL:HB	1:A:71:GLY:HA3	0.70	1.61	9	2
1:A:15:VAL:C	1:A:16:TYR:HD1	0.70	1.87	16	6
1:A:20:HIS:CD2	1:A:21:SER:H	0.70	2.04	2	1
1:A:52:ARG:HG2	1:A:52:ARG:NH1	0.70	2.01	2	1
1:A:35:ASN:OD1	1:A:38:HIS:HB3	0.70	1.87	15	1
1:A:26:MET:C	1:A:74:GLN:HG3	0.70	2.07	7	3
1:A:44:ASN:HD22	1:A:50:ARG:NE	0.70	1.85	8	2
1:A:16:TYR:O	1:A:18:PHE:HE1	0.70	1.69	5	2
1:A:31:ASP:N	1:A:33:TRP:CZ2	0.70	2.59	16	2
1:A:31:ASP:N	1:A:33:TRP:HE1	0.70	1.85	6	8
1:A:92:VAL:HG12	1:A:96:LEU:CD1	0.70	2.16	7	1
1:A:40:LEU:HD21	1:A:53:ILE:HG23	0.70	1.62	18	2
1:A:32:ASP:HB2	1:A:80:LEU:HD22	0.70	1.63	14	2
1:A:59:LEU:CA	1:A:63:HIS:CD2	0.70	2.74	17	4
1:A:40:LEU:CA	1:A:44:ASN:ND2	0.70	2.53	19	4
1:A:96:LEU:CB	1:A:99:LEU:CD2	0.70	2.70	19	1
1:A:5:ILE:HG12	1:A:18:PHE:CE2	0.70	2.21	4	1
1:A:17:GLU:CG	1:A:17:GLU:O	0.70	2.39	12	2
1:A:20:HIS:HD2	1:A:38:HIS:NE2	0.70	1.83	18	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:50:ARG:CB	0.70	2.55	6	1
1:A:61:GLU:O	1:A:62:THR:C	0.70	2.29	16	4
1:A:20:HIS:NE2	1:A:96:LEU:CA	0.70	2.54	18	2
1:A:37:THR:HA	1:A:41:LYS:HD3	0.70	1.50	19	1
1:A:117:HIS:CD2	1:A:118:HIS:ND1	0.70	2.60	4	1
1:A:18:PHE:HD1	1:A:18:PHE:N	0.70	1.85	9	1
1:A:66:VAL:CG1	1:A:77:TRP:CE2	0.70	2.68	9	1
1:A:54:LEU:HD12	1:A:58:VAL:CG2	0.70	2.00	11	1
1:A:74:GLN:HG3	1:A:77:TRP:CD1	0.70	2.21	16	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:9:ARG:NH1	1:A:9:ARG:HG2	0.70	2.00	12	1
1:A:66:VAL:HB	1:A:70:PHE:O	0.70	1.86	14	1
1:A:73:TYR:CA	1:A:74:GLN:OE1	0.70	2.40	7	4
1:A:21:SER:HB2	1:A:42:ALA:HB2	0.70	1.61	1	1
1:A:59:LEU:N	1:A:63:HIS:CG	0.70	2.60	4	2
1:A:9:ARG:CZ	1:A:9:ARG:HB2	0.70	2.17	5	1
1:A:21:SER:OG	1:A:38:HIS:HA	0.70	1.85	13	3
1:A:74:GLN:HG2	1:A:77:TRP:CD2	0.70	2.21	15	1
1:A:80:LEU:CD2	1:A:84:LYS:HD2	0.70	2.15	10	1
1:A:22:THR:HG23	1:A:41:LYS:NZ	0.70	2.02	18	1
1:A:57:GLU:OE2	1:A:86:LEU:CG	0.70	2.39	18	1
1:A:80:LEU:CD2	1:A:84:LYS:CD	0.70	2.70	10	1
1:A:41:LYS:CD	1:A:50:ARG:HB2	0.70	2.16	9	1
1:A:5:ILE:HG12	1:A:18:PHE:CB	0.70	2.16	6	1
1:A:17:GLU:CB	1:A:26:MET:SD	0.70	2.78	19	2
1:A:92:VAL:HG12	1:A:95:GLN:HB3	0.70	1.52	3	5
1:A:96:LEU:HD23	1:A:99:LEU:HD23	0.70	1.62	7	1
1:A:71:GLY:HA2	1:A:74:GLN:HE22	0.70	1.47	3	3
1:A:74:GLN:HB2	1:A:77:TRP:CD1	0.70	2.22	13	1
1:A:5:ILE:CA	1:A:18:PHE:CE1	0.70	2.74	4	2
1:A:20:HIS:HE1	1:A:38:HIS:O	0.70	1.69	4	1
1:A:50:ARG:CD	1:A:54:LEU:HG	0.70	2.15	4	1
1:A:66:VAL:HG21	1:A:74:GLN:HG3	0.70	1.64	10	1
1:A:64:GLU:CA	1:A:77:TRP:CD1	0.70	2.75	9	1
1:A:14:ASP:HB2	1:A:29:LYS:HD3	0.70	1.62	18	1
1:A:25:ILE:HD13	1:A:38:HIS:ND1	0.69	2.01	16	4
1:A:58:VAL:O	1:A:63:HIS:CG	0.69	2.44	7	2
1:A:28:ARG:CZ	1:A:33:TRP:CZ3	0.69	2.73	6	2
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:LYS:HD3	0.69	1.63	11	2
1:A:9:ARG:CG	1:A:14:ASP:CB	0.69	2.70	2	1
1:A:26:MET:C	1:A:74:GLN:OE1	0.69	2.30	2	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:92:VAL:HG11	0.69	2.23	11	2
1:A:62:THR:OG1	1:A:62:THR:O	0.69	2.10	8	2
1:A:22:THR:HG21	1:A:38:HIS:CE1	0.69	2.22	6	1
1:A:96:LEU:CD1	1:A:99:LEU:HD13	0.69	2.16	16	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:42:ALA:HB1	0.69	2.23	19	1
1:A:22:THR:HG23	1:A:22:THR:O	0.69	1.88	19	2
1:A:93:TYR:CD2	1:A:94:ASP:N	0.69	2.60	19	2
1:A:22:THR:HG22	1:A:25:ILE:CD1	0.69	2.14	7	1
1:A:65:LYS:HB2	1:A:67:GLN:NE2	0.69	2.02	18	2
1:A:40:LEU:O	1:A:44:ASN:HB3	0.69	1.86	14	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:4:GLN:CD	1:A:6:TYR:HH	0.69	1.87	1	1
1:A:84:LYS:CE	1:A:100:PHE:CD1	0.69	2.76	7	2
1:A:5:ILE:CG2	1:A:18:PHE:HE1	0.69	1.99	2	1
1:A:44:ASN:CB	1:A:50:ARG:HH22	0.69	2.00	4	1
1:A:37:THR:HG21	1:A:41:LYS:HD2	0.69	1.62	12	3
1:A:40:LEU:CD2	1:A:53:ILE:HD13	0.69	2.17	10	1
1:A:71:GLY:C	1:A:74:GLN:OE1	0.69	2.30	18	1
1:A:35:ASN:OD1	1:A:38:HIS:ND1	0.69	2.26	12	2
1:A:6:TYR:O	1:A:17:GLU:HG3	0.69	1.86	8	1
1:A:28:ARG:NH1	1:A:33:TRP:CD2	0.69	2.61	8	1
1:A:25:ILE:CG1	1:A:38:HIS:HB2	0.69	2.17	16	3
1:A:16:TYR:HB3	1:A:18:PHE:CE2	0.69	2.22	2	1
1:A:41:LYS:HE2	1:A:46:ALA:CB	0.69	2.16	4	1
1:A:41:LYS:HZ2	1:A:50:ARG:CB	0.69	2.01	6	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:38:HIS:O	0.69	2.45	7	6
1:A:38:HIS:HD2	1:A:38:HIS:O	0.69	1.71	15	3
1:A:18:PHE:CE2	1:A:25:ILE:CG2	0.69	2.75	18	4
1:A:28:ARG:HH12	1:A:30:LYS:HZ1	0.69	1.19	7	1
1:A:27:LYS:HG2	1:A:32:ASP:HA	0.69	1.63	9	2
1:A:50:ARG:CZ	1:A:53:ILE:CG1	0.69	2.69	10	1
1:A:31:ASP:HB2	1:A:33:TRP:CD2	0.69	2.22	18	1
1:A:60:LYS:CA	1:A:60:LYS:HZ2	0.69	1.99	18	1
1:A:49:LYS:HZ3	1:A:53:ILE:HG13	0.69	1.46	1	1
1:A:54:LEU:O	1:A:54:LEU:HD12	0.69	1.88	1	1
1:A:58:VAL:CG1	1:A:59:LEU:N	0.69	2.56	1	9
1:A:26:MET:HB2	1:A:73:TYR:CB	0.69	2.17	15	2
1:A:96:LEU:HD12	1:A:100:PHE:CD2	0.69	2.21	2	2
1:A:4:GLN:CG	1:A:5:ILE:N	0.69	2.55	7	1
1:A:8:ALA:HB3	1:A:17:GLU:OE1	0.69	1.88	7	1
1:A:39:ILE:CB	1:A:87:ALA:HB2	0.69	2.17	6	5
1:A:40:LEU:CG	1:A:53:ILE:CG2	0.69	2.71	4	2
1:A:77:TRP:N	1:A:77:TRP:HD1	0.69	1.84	17	6
1:A:15:VAL:CG2	1:A:16:TYR:N	0.69	2.56	8	3
1:A:28:ARG:CD	1:A:30:LYS:CB	0.69	2.70	11	1
1:A:96:LEU:HD13	1:A:99:LEU:HD13	0.69	1.64	16	1
1:A:58:VAL:HG23	1:A:78:VAL:CG1	0.69	2.17	2	2
1:A:58:VAL:C	1:A:63:HIS:CG	0.69	2.66	7	2
1:A:93:TYR:CD1	1:A:94:ASP:CA	0.69	2.76	13	2
1:A:5:ILE:HA	1:A:18:PHE:HB3	0.69	1.63	17	3
1:A:34:VAL:CG1	1:A:39:ILE:HD12	0.69	2.14	4	3
1:A:41:LYS:CD	1:A:45:PHE:CA	0.69	2.70	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:ILE:HG21	1:A:38:HIS:HD1	0.69	1.47	15	3
1:A:52:ARG:O	1:A:56:LYS:N	0.69	2.23	4	3
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:C	0.69	2.08	9	1
1:A:15:VAL:CG1	1:A:27:LYS:H	0.69	1.91	11	1
1:A:17:GLU:HG2	1:A:26:MET:HG3	0.69	1.64	18	1
1:A:10:TYR:HE1	1:A:15:VAL:HG11	0.69	1.47	17	1
1:A:73:TYR:HB2	1:A:74:GLN:NE2	0.69	2.03	14	4
1:A:35:ASN:CB	1:A:74:GLN:CA	0.69	2.71	5	3
1:A:16:TYR:HD1	1:A:27:LYS:HB3	0.69	1.49	18	1
1:A:48:ALA:O	1:A:52:ARG:HD3	0.69	1.87	18	1
1:A:19:ILE:HD11	1:A:24:SER:OG	0.69	1.89	16	1
1:A:25:ILE:HG21	1:A:38:HIS:HB3	0.69	1.65	16	1
1:A:71:GLY:O	1:A:74:GLN:CG	0.68	2.41	16	5
1:A:89:LYS:C	1:A:90:PHE:HD1	0.68	1.92	2	3
1:A:26:MET:SD	1:A:71:GLY:CA	0.68	2.80	11	4
1:A:89:LYS:HZ2	1:A:89:LYS:HB2	0.68	1.49	3	1
1:A:41:LYS:N	1:A:44:ASN:ND2	0.68	2.40	16	3
1:A:41:LYS:HZ1	1:A:50:ARG:HD3	0.68	1.46	17	1
1:A:18:PHE:CD2	1:A:99:LEU:HB2	0.68	2.24	16	1
1:A:86:LEU:HD12	1:A:86:LEU:C	0.68	2.06	8	1
1:A:97:LYS:HB2	1:A:98:PRO:CD	0.68	2.17	17	2
1:A:26:MET:O	1:A:74:GLN:CD	0.68	2.31	2	1
1:A:9:ARG:CB	1:A:14:ASP:CB	0.68	2.71	2	4
1:A:36:ALA:HB1	1:A:58:VAL:HG21	0.68	1.60	4	1
1:A:19:ILE:CD1	1:A:24:SER:CA	0.68	2.71	15	2
1:A:40:LEU:HB3	1:A:41:LYS:CE	0.68	2.19	15	2
1:A:97:LYS:HD2	1:A:97:LYS:O	0.68	1.86	16	1
1:A:50:ARG:HH12	1:A:54:LEU:HB3	0.68	1.48	7	1
1:A:32:ASP:OD1	1:A:80:LEU:HB3	0.68	1.87	7	2
1:A:22:THR:OG1	1:A:41:LYS:HE3	0.68	1.87	2	1
1:A:62:THR:HG21	1:A:79:PRO:CD	0.68	2.16	3	3
1:A:93:TYR:O	1:A:97:LYS:CD	0.68	2.42	17	1
1:A:93:TYR:O	1:A:93:TYR:CD1	0.68	2.45	2	5
1:A:55:GLU:CG	1:A:56:LYS:N	0.68	2.56	6	6
1:A:50:ARG:NH1	1:A:50:ARG:CA	0.68	2.55	4	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:54:LEU:HD22	0.68	1.64	18	1
1:A:18:PHE:CD1	1:A:19:ILE:O	0.68	2.45	14	3
1:A:72:LYS:CD	1:A:72:LYS:O	0.68	2.42	1	4
1:A:50:ARG:NH1	1:A:50:ARG:HA	0.68	2.03	5	2
1:A:22:THR:CG2	1:A:22:THR:O	0.68	2.41	12	2
1:A:66:VAL:CG2	1:A:70:PHE:C	0.68	2.61	13	3

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:TRP:HB2	1:A:77:TRP:HB2	0.68	1.63	16	2
1:A:44:ASN:ND2	1:A:50:ARG:NH2	0.68	2.40	4	2
1:A:25:ILE:HG21	1:A:38:HIS:ND1	0.68	2.03	15	2
1:A:41:LYS:HZ2	1:A:54:LEU:HD22	0.68	1.45	15	1
1:A:80:LEU:O	1:A:84:LYS:HG2	0.68	1.88	6	2
1:A:31:ASP:C	1:A:32:ASP:OD1	0.68	2.31	6	3
1:A:55:GLU:HG3	1:A:56:LYS:H	0.68	1.49	11	3
1:A:93:TYR:CD1	1:A:94:ASP:OD1	0.68	2.47	12	1
1:A:66:VAL:HG11	1:A:74:GLN:CG	0.68	2.18	1	2
1:A:81:ASN:OD1	1:A:81:ASN:N	0.68	2.25	1	3
1:A:94:ASP:OD2	1:A:95:GLN:HG2	0.68	1.87	10	1
1:A:61:GLU:OE2	1:A:79:PRO:HG2	0.68	1.89	16	1
1:A:9:ARG:O	1:A:9:ARG:CG	0.68	2.42	16	5
1:A:59:LEU:CA	1:A:63:HIS:CG	0.68	2.76	4	3
1:A:66:VAL:CG2	1:A:77:TRP:HZ2	0.68	1.77	5	1
1:A:16:TYR:HB2	1:A:18:PHE:HZ	0.68	1.44	19	6
1:A:86:LEU:O	1:A:91:SER:OG	0.68	2.11	4	6
1:A:98:PRO:HA	1:A:101:ASP:HB2	0.68	1.65	4	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:42:ALA:CB	0.68	2.77	4	1
1:A:18:PHE:HE2	1:A:27:LYS:HD2	0.68	1.45	6	1
1:A:20:HIS:HB2	1:A:38:HIS:HD2	0.68	1.48	8	2
1:A:62:THR:HG1	1:A:79:PRO:HG2	0.68	1.46	1	1
1:A:34:VAL:HG12	1:A:39:ILE:HD13	0.68	1.66	5	3
1:A:38:HIS:CE1	1:A:99:LEU:CD1	0.68	2.77	16	3
1:A:41:LYS:HB2	1:A:50:ARG:HD2	0.68	1.66	4	2
1:A:66:VAL:O	1:A:67:GLN:OE1	0.68	2.12	17	2
1:A:65:LYS:C	1:A:67:GLN:NE2	0.68	2.46	13	2
1:A:71:GLY:HA3	1:A:74:GLN:HE22	0.68	1.49	2	1
1:A:37:THR:O	1:A:41:LYS:N	0.68	2.26	14	16
1:A:18:PHE:O	1:A:25:ILE:CD1	0.68	2.28	1	1
1:A:66:VAL:CG2	1:A:71:GLY:CA	0.68	2.62	16	5
1:A:8:ALA:HB3	1:A:15:VAL:CG2	0.68	2.18	17	2
1:A:20:HIS:CD2	1:A:92:VAL:CG1	0.68	2.76	16	1
1:A:27:LYS:HD2	1:A:34:VAL:HG23	0.68	1.63	8	1
1:A:15:VAL:CG2	1:A:26:MET:HE3	0.68	2.19	1	3
1:A:80:LEU:CD1	1:A:80:LEU:C	0.68	2.56	19	2
1:A:9:ARG:HB2	1:A:9:ARG:CZ	0.68	2.17	7	1
1:A:13:VAL:CG1	1:A:30:LYS:N	0.68	2.57	2	2
1:A:89:LYS:C	1:A:90:PHE:CD1	0.68	2.68	2	2
1:A:58:VAL:CA	1:A:63:HIS:HB2	0.68	2.19	4	1
1:A:44:ASN:CG	1:A:50:ARG:NH1	0.68	2.47	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:61:GLU:OE2	1:A:62:THR:HB	0.68	1.88	16	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:98:PRO:CB	0.68	2.76	8	1
1:A:89:LYS:O	1:A:93:TYR:HB3	0.67	1.89	6	7
1:A:93:TYR:HD1	1:A:94:ASP:N	0.67	1.86	2	2
1:A:39:ILE:O	1:A:92:VAL:HG23	0.67	1.89	8	2
1:A:5:ILE:HG12	1:A:18:PHE:CE1	0.67	2.22	4	1
1:A:14:ASP:OD1	1:A:29:LYS:HG3	0.67	1.79	9	1
1:A:28:ARG:HD2	1:A:30:LYS:HB2	0.67	1.66	11	1
1:A:8:ALA:HB2	1:A:26:MET:HE2	0.67	1.66	17	1
1:A:40:LEU:CB	1:A:44:ASN:HD21	0.67	2.01	19	2
1:A:63:HIS:CD2	1:A:76:THR:HG23	0.67	2.25	15	2
1:A:64:GLU:HG2	1:A:77:TRP:CZ3	0.67	2.21	13	1
1:A:35:ASN:ND2	1:A:74:GLN:HA	0.67	2.04	11	2
1:A:22:THR:HG23	1:A:38:HIS:CG	0.67	2.24	11	1
1:A:18:PHE:HB2	1:A:20:HIS:NE2	0.67	2.04	6	2
1:A:10:TYR:CE1	1:A:15:VAL:CG1	0.67	2.77	17	1
1:A:9:ARG:HH11	1:A:9:ARG:CG	0.67	2.01	12	1
1:A:33:TRP:HZ3	1:A:62:THR:HB	0.67	1.49	19	1
1:A:42:ALA:HB3	1:A:92:VAL:HG22	0.67	1.66	2	2
1:A:54:LEU:O	1:A:58:VAL:CB	0.67	2.42	4	2
1:A:32:ASP:O	1:A:80:LEU:HD12	0.67	1.88	9	2
1:A:28:ARG:NH1	1:A:33:TRP:HZ3	0.67	1.82	6	1
1:A:40:LEU:CB	1:A:41:LYS:HE3	0.67	2.18	6	1
1:A:59:LEU:CA	1:A:63:HIS:ND1	0.67	2.58	1	1
1:A:35:ASN:ND2	1:A:37:THR:HB	0.67	2.05	16	7
1:A:117:HIS:CD2	1:A:117:HIS:H	0.67	2.06	13	2
1:A:6:TYR:OH	1:A:19:ILE:CG1	0.67	2.42	7	1
1:A:97:LYS:O	1:A:101:ASP:CB	0.67	2.42	3	2
1:A:66:VAL:HG12	1:A:77:TRP:CH2	0.67	2.24	6	3
1:A:13:VAL:CG1	1:A:30:LYS:H	0.67	2.02	2	2
1:A:26:MET:HB2	1:A:74:GLN:HE21	0.67	1.47	3	1
1:A:9:ARG:CD	1:A:9:ARG:O	0.67	2.43	9	1
1:A:16:TYR:HD2	1:A:27:LYS:HB2	0.67	1.45	8	3
1:A:96:LEU:HD22	1:A:99:LEU:HB2	0.67	1.63	16	1
1:A:4:GLN:C	1:A:18:PHE:CE2	0.67	2.68	1	1
1:A:58:VAL:O	1:A:63:HIS:CB	0.67	2.40	4	2
1:A:66:VAL:HG23	1:A:75:GLY:O	0.67	1.89	19	1
1:A:33:TRP:CZ3	1:A:62:THR:OG1	0.67	2.47	13	3
1:A:8:ALA:O	1:A:15:VAL:CA	0.67	2.42	17	5
1:A:16:TYR:CD1	1:A:27:LYS:HB3	0.67	2.24	18	2
1:A:41:LYS:HE2	1:A:41:LYS:HA	0.67	1.67	6	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:LEU:CB	1:A:44:ASN:ND2	0.67	2.57	10	3
1:A:59:LEU:HA	1:A:63:HIS:ND1	0.67	2.04	1	1
1:A:26:MET:CE	1:A:71:GLY:CA	0.67	2.73	11	3
1:A:28:ARG:NE	1:A:77:TRP:CD2	0.67	2.61	5	1
1:A:57:GLU:OE1	1:A:57:GLU:CA	0.67	2.40	15	4
1:A:31:ASP:OD2	1:A:33:TRP:HZ2	0.67	1.67	2	2
1:A:53:ILE:CG2	1:A:54:LEU:N	0.67	2.58	15	3
1:A:80:LEU:CD2	1:A:80:LEU:C	0.67	2.58	9	2
1:A:54:LEU:CD2	1:A:58:VAL:HG11	0.67	2.18	9	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:86:LEU:HD21	0.67	2.19	6	1
1:A:15:VAL:CB	1:A:26:MET:HG3	0.67	2.20	11	2
1:A:32:ASP:O	1:A:80:LEU:HD13	0.67	1.89	5	2
1:A:36:ALA:HB1	1:A:40:LEU:CD2	0.67	2.19	7	1
1:A:54:LEU:HG	1:A:58:VAL:HG21	0.67	1.65	3	2
1:A:65:LYS:O	1:A:67:GLN:OE1	0.67	2.12	9	1
1:A:28:ARG:HG2	1:A:33:TRP:CD1	0.67	2.25	11	1
1:A:49:LYS:O	1:A:53:ILE:CG1	0.67	2.41	5	2
1:A:50:ARG:HG3	1:A:54:LEU:CD1	0.67	2.19	5	2
1:A:41:LYS:HE3	1:A:54:LEU:HD22	0.67	1.67	15	2
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:HD3	0.67	2.25	15	1
1:A:123:VAL:O	1:A:124:ASP:O	0.67	2.13	11	1
1:A:35:ASN:O	1:A:35:ASN:ND2	0.67	2.27	6	1
1:A:41:LYS:CE	1:A:44:ASN:ND2	0.67	2.58	6	1
1:A:19:ILE:HD13	1:A:24:SER:OG	0.67	1.90	16	1
1:A:18:PHE:HE2	1:A:99:LEU:HB2	0.67	1.50	16	1
1:A:16:TYR:O	1:A:26:MET:SD	0.67	2.53	19	1
1:A:53:ILE:HG13	1:A:54:LEU:N	0.67	2.04	10	3
1:A:53:ILE:CG1	1:A:54:LEU:N	0.67	2.58	17	3
1:A:74:GLN:HG3	1:A:77:TRP:NE1	0.67	2.04	16	1
1:A:50:ARG:N	1:A:50:ARG:HD3	0.67	2.05	14	1
1:A:73:TYR:HB2	1:A:74:GLN:HE22	0.67	1.49	14	6
1:A:20:HIS:CD2	1:A:38:HIS:CB	0.67	2.78	19	1
1:A:38:HIS:NE2	1:A:92:VAL:HG21	0.67	2.05	4	1
1:A:39:ILE:HG13	1:A:87:ALA:HB2	0.67	1.67	4	2
1:A:4:GLN:C	1:A:18:PHE:CD2	0.66	2.68	14	2
1:A:40:LEU:CA	1:A:44:ASN:HD22	0.66	2.03	10	2
1:A:97:LYS:HB3	1:A:98:PRO:HD3	0.66	1.65	5	6
1:A:63:HIS:ND1	1:A:63:HIS:C	0.66	2.48	4	1
1:A:66:VAL:HG23	1:A:75:GLY:CA	0.66	2.20	10	1
1:A:20:HIS:HB3	1:A:38:HIS:NE2	0.66	2.03	11	1
1:A:8:ALA:HB3	1:A:15:VAL:HG23	0.66	1.65	17	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:41:LYS:CE	1:A:46:ALA:N	0.66	2.58	16	1
1:A:59:LEU:CD2	1:A:59:LEU:C	0.66	2.63	1	1
1:A:96:LEU:C	1:A:98:PRO:HD2	0.66	2.09	15	2
1:A:14:ASP:OD2	1:A:29:LYS:HD3	0.66	1.89	8	2
1:A:20:HIS:ND1	1:A:95:GLN:HG2	0.66	2.05	11	2
1:A:27:LYS:NZ	1:A:27:LYS:CB	0.66	2.58	1	1
1:A:25:ILE:HD13	1:A:25:ILE:N	0.66	2.04	10	3
1:A:39:ILE:HG21	1:A:87:ALA:HB2	0.66	1.63	7	1
1:A:41:LYS:HE2	1:A:46:ALA:N	0.66	2.05	4	2
1:A:5:ILE:HD11	1:A:18:PHE:CG	0.66	2.19	3	1
1:A:6:TYR:CE1	1:A:17:GLU:HB2	0.66	2.25	11	1
1:A:65:LYS:N	1:A:65:LYS:CD	0.66	2.59	11	2
1:A:28:ARG:NH2	1:A:77:TRP:HB3	0.66	2.05	5	1
1:A:28:ARG:HD2	1:A:64:GLU:OE1	0.66	1.90	19	1
1:A:32:ASP:C	1:A:32:ASP:OD1	0.66	2.33	7	1
1:A:44:ASN:CG	1:A:50:ARG:HH22	0.66	1.94	4	1
1:A:71:GLY:HA2	1:A:74:GLN:CD	0.66	2.11	10	2
1:A:15:VAL:HG21	1:A:26:MET:HG2	0.66	1.66	6	3
1:A:92:VAL:C	1:A:96:LEU:HG	0.66	2.11	14	6
1:A:88:GLU:HA	1:A:100:PHE:HE2	0.66	1.47	8	6
1:A:8:ALA:C	1:A:15:VAL:O	0.66	2.33	13	5
1:A:53:ILE:HG22	1:A:54:LEU:N	0.66	2.03	7	2
1:A:65:LYS:HG2	1:A:67:GLN:HE21	0.66	1.50	7	1
1:A:65:LYS:CG	1:A:67:GLN:HE22	0.66	2.04	13	1
1:A:45:PHE:N	1:A:45:PHE:CD1	0.66	2.60	8	3
1:A:15:VAL:HG11	1:A:26:MET:C	0.66	2.11	11	1
1:A:44:ASN:HD22	1:A:44:ASN:C	0.66	1.93	18	2
1:A:72:LYS:CG	1:A:72:LYS:O	0.66	2.44	14	3
1:A:59:LEU:C	1:A:63:HIS:CE1	0.66	2.69	1	2
1:A:18:PHE:HZ	1:A:27:LYS:HD2	0.66	1.50	5	1
1:A:74:GLN:OE1	1:A:76:THR:N	0.66	2.28	15	1
1:A:15:VAL:HG23	1:A:27:LYS:H	0.66	1.50	8	2
1:A:72:LYS:HE2	1:A:73:TYR:CZ	0.66	2.25	14	1
1:A:74:GLN:NE2	1:A:75:GLY:N	0.66	2.44	12	3
1:A:92:VAL:HG11	1:A:96:LEU:CD1	0.66	1.99	7	2
1:A:37:THR:CA	1:A:41:LYS:CB	0.66	2.74	4	4
1:A:27:LYS:HD3	1:A:32:ASP:CA	0.66	2.19	9	2
1:A:63:HIS:HB2	1:A:76:THR:CG2	0.66	2.21	18	2
1:A:50:ARG:NH1	1:A:51:THR:CA	0.66	2.59	17	1
1:A:5:ILE:CG1	1:A:99:LEU:HB2	0.66	2.19	17	1
1:A:16:TYR:H	1:A:27:LYS:HG2	0.66	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:67:GLN:O	1:A:70:PHE:HD2	0.66	1.73	14	3
1:A:5:ILE:HG13	1:A:18:PHE:HD2	0.66	1.47	1	2
1:A:73:TYR:CB	1:A:74:GLN:HE22	0.66	2.03	19	3
1:A:22:THR:HG23	1:A:25:ILE:CD1	0.66	2.21	5	3
1:A:20:HIS:NE2	1:A:95:GLN:CA	0.66	2.58	7	1
1:A:92:VAL:HG13	1:A:92:VAL:O	0.66	1.89	13	1
1:A:41:LYS:HD2	1:A:50:ARG:HG3	0.66	1.68	15	1
1:A:66:VAL:HG12	1:A:70:PHE:CE1	0.66	2.25	9	1
1:A:5:ILE:HD12	1:A:5:ILE:N	0.66	2.06	18	1
1:A:41:LYS:HE3	1:A:54:LEU:HD12	0.66	1.67	6	1
1:A:26:MET:HE3	1:A:73:TYR:HD2	0.66	1.49	17	2
1:A:15:VAL:CG1	1:A:27:LYS:C	0.66	2.47	11	2
1:A:50:ARG:NH1	1:A:54:LEU:HD11	0.66	2.03	5	1
1:A:58:VAL:HG11	1:A:63:HIS:HB2	0.66	1.64	2	5
1:A:37:THR:OG1	1:A:41:LYS:HD3	0.66	1.91	19	1
1:A:28:ARG:CB	1:A:33:TRP:CG	0.66	2.78	17	3
1:A:42:ALA:HB3	1:A:92:VAL:HG13	0.66	1.67	16	4
1:A:117:HIS:NE2	1:A:118:HIS:O	0.66	2.28	3	2
1:A:61:GLU:OE2	1:A:82:ILE:HD12	0.66	1.90	3	1
1:A:4:GLN:NE2	1:A:19:ILE:HG21	0.66	2.06	9	1
1:A:80:LEU:HG	1:A:81:ASN:N	0.66	2.06	14	3
1:A:28:ARG:CD	1:A:64:GLU:OE1	0.66	2.43	19	1
1:A:59:LEU:C	1:A:59:LEU:CD1	0.66	2.61	19	7
1:A:80:LEU:HD21	1:A:84:LYS:CD	0.66	2.17	10	1
1:A:64:GLU:HA	1:A:64:GLU:OE1	0.66	1.90	18	3
1:A:27:LYS:HZ3	1:A:27:LYS:CB	0.65	2.00	1	1
1:A:38:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HD23	0.65	2.03	1	1
1:A:87:ALA:CB	1:A:92:VAL:HG22	0.65	2.01	4	1
1:A:20:HIS:CB	1:A:38:HIS:HD2	0.65	2.00	11	2
1:A:25:ILE:HD11	1:A:38:HIS:ND1	0.65	2.02	8	1
1:A:26:MET:N	1:A:74:GLN:OE1	0.65	2.28	14	1
1:A:79:PRO:HB2	1:A:82:ILE:CG2	0.65	2.21	17	4
1:A:26:MET:N	1:A:74:GLN:CD	0.65	2.49	6	3
1:A:42:ALA:HB1	1:A:92:VAL:CG2	0.65	2.21	12	3
1:A:123:VAL:HG12	1:A:123:VAL:O	0.65	1.91	5	1
1:A:36:ALA:HB1	1:A:40:LEU:HD23	0.65	1.67	7	1
1:A:5:ILE:CD1	1:A:99:LEU:HD13	0.65	2.21	13	1
1:A:25:ILE:HA	1:A:35:ASN:HD21	0.65	1.50	3	2
1:A:40:LEU:HB3	1:A:44:ASN:HD21	0.65	1.52	6	2
1:A:66:VAL:HG12	1:A:77:TRP:NE1	0.65	2.06	14	1
1:A:5:ILE:CG1	1:A:18:PHE:HD2	0.65	2.05	1	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:ALA:CA	1:A:15:VAL:O	0.65	2.44	10	5
1:A:88:GLU:HB2	1:A:100:PHE:HE2	0.65	1.46	12	4
1:A:25:ILE:HG12	1:A:35:ASN:CG	0.65	2.12	2	2
1:A:63:HIS:NE2	1:A:76:THR:HG22	0.65	2.06	4	1
1:A:37:THR:HA	1:A:41:LYS:CG	0.65	2.21	9	2
1:A:44:ASN:OD1	1:A:50:ARG:CG	0.65	2.44	14	2
1:A:44:ASN:CB	1:A:50:ARG:NH2	0.65	2.60	4	3
1:A:41:LYS:HD3	1:A:45:PHE:CA	0.65	2.21	7	1
1:A:40:LEU:HD11	1:A:53:ILE:HG22	0.65	1.69	8	2
1:A:9:ARG:HH21	1:A:12:GLY:CA	0.65	2.04	4	1
1:A:50:ARG:CG	1:A:50:ARG:HH11	0.65	2.05	3	1
1:A:61:GLU:OE2	1:A:82:ILE:CG2	0.65	2.44	15	1
1:A:80:LEU:CD1	1:A:80:LEU:N	0.65	2.60	9	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:54:LEU:HD22	0.65	1.67	11	1
1:A:33:TRP:CE3	1:A:64:GLU:OE1	0.65	2.49	1	1
1:A:35:ASN:HA	1:A:76:THR:C	0.65	2.12	17	4
1:A:99:LEU:HD12	1:A:100:PHE:N	0.65	2.05	19	1
1:A:38:HIS:HE1	1:A:99:LEU:CD2	0.65	2.04	13	1
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:LYS:HG3	0.65	1.69	4	2
1:A:9:ARG:HH21	1:A:12:GLY:HA2	0.65	1.50	4	1
1:A:35:ASN:CG	1:A:38:HIS:HB3	0.65	2.11	15	1
1:A:42:ALA:HB3	1:A:92:VAL:CG1	0.65	2.22	6	3
1:A:58:VAL:HG23	1:A:63:HIS:CA	0.65	2.21	9	1
1:A:61:GLU:N	1:A:61:GLU:CD	0.65	2.50	18	1
1:A:94:ASP:HA	1:A:97:LYS:CD	0.65	2.20	17	1
1:A:18:PHE:HE2	1:A:98:PRO:HB2	0.65	1.52	8	2
1:A:88:GLU:HA	1:A:93:TYR:CB	0.65	2.21	1	1
1:A:16:TYR:HD1	1:A:27:LYS:CB	0.65	2.05	18	3
1:A:54:LEU:HD22	1:A:58:VAL:CB	0.65	2.16	7	1
1:A:20:HIS:NE2	1:A:99:LEU:HB3	0.65	2.06	9	2
1:A:40:LEU:C	1:A:50:ARG:NE	0.65	2.49	4	1
1:A:20:HIS:HE2	1:A:92:VAL:CG1	0.65	2.00	4	2
1:A:74:GLN:OE1	1:A:75:GLY:CA	0.65	2.45	15	1
1:A:50:ARG:CA	1:A:50:ARG:NE	0.65	2.59	18	1
1:A:61:GLU:OE2	1:A:79:PRO:HD2	0.65	1.92	16	1
1:A:61:GLU:OE1	1:A:61:GLU:CA	0.65	2.44	19	2
1:A:58:VAL:O	1:A:61:GLU:O	0.65	2.15	7	2
1:A:116:LYS:NZ	1:A:119:HIS:CE1	0.65	2.64	13	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:38:HIS:O	0.65	2.49	4	1
1:A:66:VAL:HG13	1:A:75:GLY:HA2	0.65	1.68	16	1
1:A:6:TYR:HD2	1:A:17:GLU:HG3	0.65	1.48	12	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:74:GLN:CG	1:A:77:TRP:CG	0.65	2.77	12	1
1:A:11:SER:OG	1:A:13:VAL:HG23	0.65	1.92	7	2
1:A:22:THR:HG23	1:A:25:ILE:HD11	0.65	1.68	15	2
1:A:42:ALA:HB1	1:A:92:VAL:HG11	0.65	1.64	10	4
1:A:119:HIS:CG	1:A:119:HIS:O	0.65	2.49	10	1
1:A:58:VAL:HG22	1:A:59:LEU:N	0.65	2.07	18	2
1:A:50:ARG:C	1:A:54:LEU:HG	0.65	2.11	18	1
1:A:50:ARG:NH2	1:A:53:ILE:CG2	0.65	2.60	8	1
1:A:32:ASP:OD1	1:A:32:ASP:O	0.65	2.14	2	1
1:A:46:ALA:HB1	1:A:50:ARG:HD2	0.65	1.67	16	2
1:A:41:LYS:HE3	1:A:46:ALA:H	0.65	1.52	16	1
1:A:20:HIS:CB	1:A:25:ILE:HG12	0.65	2.22	19	1
1:A:66:VAL:C	1:A:67:GLN:HG2	0.65	2.08	19	2
1:A:11:SER:O	1:A:11:SER:OG	0.65	2.13	11	8
1:A:50:ARG:HH11	1:A:50:ARG:CB	0.65	2.03	4	2
1:A:60:LYS:O	1:A:60:LYS:HG3	0.65	1.91	8	2
1:A:25:ILE:CG2	1:A:35:ASN:HD21	0.65	2.04	2	2
1:A:28:ARG:HG3	1:A:33:TRP:CH2	0.65	2.26	12	1
1:A:57:GLU:HG3	1:A:58:VAL:HG22	0.64	1.67	5	1
1:A:16:TYR:OH	1:A:34:VAL:CG1	0.64	2.45	15	1
1:A:41:LYS:CE	1:A:41:LYS:N	0.64	2.60	15	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:38:HIS:ND1	0.64	2.64	10	1
1:A:22:THR:OG1	1:A:38:HIS:CE1	0.64	2.50	11	1
1:A:18:PHE:HD2	1:A:25:ILE:HB	0.64	1.53	19	1
1:A:35:ASN:HD21	1:A:38:HIS:HB3	0.64	1.50	15	2
1:A:25:ILE:CG2	1:A:35:ASN:CG	0.64	2.52	6	1
1:A:5:ILE:HG12	1:A:18:PHE:HB3	0.64	1.70	6	1
1:A:65:LYS:HD3	1:A:65:LYS:H	0.64	1.52	12	1
1:A:18:PHE:CZ	1:A:98:PRO:HG2	0.64	2.27	14	2
1:A:58:VAL:HG23	1:A:78:VAL:HG13	0.64	1.70	13	4
1:A:58:VAL:HG13	1:A:63:HIS:CD2	0.64	2.27	7	1
1:A:33:TRP:CZ3	1:A:79:PRO:HG3	0.64	2.27	3	3
1:A:35:ASN:HB2	1:A:74:GLN:O	0.64	1.91	13	5
1:A:74:GLN:HG2	1:A:75:GLY:H	0.64	1.52	3	3
1:A:32:ASP:OD1	1:A:80:LEU:HD13	0.64	1.92	11	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:38:HIS:NE2	0.64	2.63	18	1
1:A:38:HIS:NE2	1:A:99:LEU:CD1	0.64	2.60	18	1
1:A:44:ASN:HD22	1:A:50:ARG:NH2	0.64	1.89	8	1
1:A:26:MET:CA	1:A:74:GLN:CG	0.64	2.75	14	6
1:A:22:THR:OG1	1:A:37:THR:HG22	0.64	1.91	1	3
1:A:28:ARG:HH21	1:A:77:TRP:HB3	0.64	1.52	5	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:18:PHE:O	1:A:24:SER:C	0.64	2.36	19	3
1:A:59:LEU:CD1	1:A:60:LYS:N	0.64	2.60	2	2
1:A:54:LEU:CD2	1:A:58:VAL:CB	0.64	2.75	7	1
1:A:18:PHE:CD2	1:A:99:LEU:HD23	0.64	2.28	12	2
1:A:17:GLU:N	1:A:18:PHE:CE1	0.64	2.65	6	3
1:A:20:HIS:NE2	1:A:96:LEU:CB	0.64	2.61	18	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:50:ARG:CA	0.64	2.60	6	1
1:A:38:HIS:HE1	1:A:39:ILE:HD11	0.64	1.48	16	1
1:A:64:GLU:OE2	1:A:77:TRP:HE3	0.64	1.72	16	1
1:A:35:ASN:CG	1:A:74:GLN:CA	0.64	2.66	11	3
1:A:44:ASN:CG	1:A:50:ARG:HD3	0.64	2.13	7	1
1:A:16:TYR:HB2	1:A:18:PHE:HE2	0.64	1.51	2	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:54:LEU:CD2	0.64	2.60	15	1
1:A:34:VAL:HG13	1:A:39:ILE:CD1	0.64	2.20	10	5
1:A:63:HIS:O	1:A:64:GLU:CD	0.64	2.36	9	1
1:A:49:LYS:HB3	1:A:50:ARG:HH12	0.64	1.53	11	2
1:A:44:ASN:O	1:A:50:ARG:CD	0.64	2.45	18	1
1:A:13:VAL:HG11	1:A:30:LYS:HG3	0.64	1.68	16	1
1:A:26:MET:C	1:A:74:GLN:HB3	0.64	2.12	16	1
1:A:117:HIS:HD2	1:A:118:HIS:O	0.64	1.76	8	1
1:A:79:PRO:HG2	1:A:82:ILE:CG2	0.64	2.22	14	2
1:A:13:VAL:HG21	1:A:30:LYS:HE3	0.64	1.70	19	1
1:A:20:HIS:ND1	1:A:21:SER:N	0.64	2.45	19	3
1:A:24:SER:HB3	1:A:73:TYR:CG	0.64	2.27	13	2
1:A:96:LEU:CD1	1:A:100:PHE:CG	0.64	2.81	2	1
1:A:16:TYR:HD1	1:A:27:LYS:HG2	0.64	1.48	4	1
1:A:57:GLU:OE1	1:A:86:LEU:HD21	0.64	1.91	15	1
1:A:57:GLU:CD	1:A:86:LEU:HD22	0.64	2.11	15	1
1:A:50:ARG:HH12	1:A:51:THR:CA	0.64	2.06	17	1
1:A:6:TYR:CD2	1:A:17:GLU:HG3	0.64	2.27	12	1
1:A:80:LEU:CD2	1:A:80:LEU:N	0.64	2.61	12	1
1:A:49:LYS:HB2	1:A:50:ARG:NH1	0.64	1.88	14	1
1:A:59:LEU:O	1:A:59:LEU:HD13	0.64	1.92	13	6
1:A:49:LYS:HB3	1:A:50:ARG:HH21	0.64	1.49	5	2
1:A:13:VAL:CG2	1:A:30:LYS:HE3	0.64	2.23	19	1
1:A:72:LYS:HE3	1:A:73:TYR:H	0.64	1.53	19	1
1:A:28:ARG:HD3	1:A:30:LYS:CD	0.64	2.23	13	1
1:A:82:ILE:O	1:A:85:GLN:HG3	0.64	1.93	18	1
1:A:41:LYS:CA	1:A:44:ASN:HD22	0.64	2.04	12	2
1:A:11:SER:OG	1:A:11:SER:O	0.64	2.15	4	10
1:A:21:SER:OG	1:A:42:ALA:HB1	0.64	1.92	4	3

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:ALA:N	1:A:16:TYR:HA	0.64	2.07	13	2
1:A:97:LYS:HD2	1:A:98:PRO:HD3	0.64	1.69	12	2
1:A:40:LEU:HB3	1:A:53:ILE:CG2	0.64	2.23	7	1
1:A:96:LEU:CB	1:A:100:PHE:CD1	0.64	2.80	3	1
1:A:16:TYR:OH	1:A:34:VAL:HG13	0.64	1.93	3	2
1:A:35:ASN:CG	1:A:38:HIS:CG	0.64	2.72	6	1
1:A:56:LYS:HD2	1:A:60:LYS:HZ1	0.64	1.51	6	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:96:LEU:CD2	0.64	2.81	16	1
1:A:37:THR:O	1:A:41:LYS:CB	0.64	2.46	5	19
1:A:40:LEU:C	1:A:44:ASN:OD1	0.64	2.36	1	2
1:A:63:HIS:HB2	1:A:76:THR:HG22	0.64	1.69	18	2
1:A:50:ARG:CG	1:A:54:LEU:HD13	0.64	2.23	2	1
1:A:14:ASP:N	1:A:14:ASP:OD1	0.64	2.30	18	1
1:A:15:VAL:CG2	1:A:26:MET:HE2	0.64	2.21	6	1
1:A:33:TRP:HZ3	1:A:62:THR:HG21	0.64	1.52	8	1
1:A:9:ARG:NH1	1:A:9:ARG:CG	0.64	2.56	12	1
1:A:28:ARG:NH2	1:A:77:TRP:CD1	0.64	2.66	5	1
1:A:65:LYS:CG	1:A:65:LYS:O	0.64	2.46	16	2
1:A:10:TYR:CE1	1:A:26:MET:CE	0.64	2.81	10	1
1:A:22:THR:OG1	1:A:37:THR:CG2	0.64	2.46	6	3
1:A:35:ASN:HB2	1:A:38:HIS:ND1	0.64	2.08	6	1
1:A:16:TYR:HH	1:A:32:ASP:HA	0.64	1.50	16	1
1:A:35:ASN:CA	1:A:76:THR:O	0.64	2.45	16	1
1:A:35:ASN:CB	1:A:74:GLN:O	0.63	2.46	13	3
1:A:9:ARG:HB3	1:A:9:ARG:NH1	0.63	2.08	5	1
1:A:80:LEU:HD22	1:A:84:LYS:HB3	0.63	1.69	10	1
1:A:63:HIS:C	1:A:63:HIS:ND1	0.63	2.51	8	2
1:A:15:VAL:HG23	1:A:26:MET:CG	0.63	2.22	9	1
1:A:66:VAL:CB	1:A:71:GLY:CA	0.63	2.76	17	2
1:A:31:ASP:C	1:A:32:ASP:CG	0.63	2.56	6	1
1:A:31:ASP:CB	1:A:33:TRP:CD1	0.63	2.80	12	2
1:A:66:VAL:HG13	1:A:75:GLY:CA	0.63	2.24	1	1
1:A:33:TRP:HA	1:A:78:VAL:C	0.63	2.13	19	6
1:A:50:ARG:CA	1:A:50:ARG:HH11	0.63	2.06	7	1
1:A:25:ILE:CB	1:A:35:ASN:HD21	0.63	2.05	2	2
1:A:16:TYR:CE1	1:A:18:PHE:CG	0.63	2.82	15	1
1:A:16:TYR:CE2	1:A:27:LYS:HD3	0.63	2.29	15	1
1:A:28:ARG:NE	1:A:30:LYS:CB	0.63	2.60	11	1
1:A:41:LYS:CA	1:A:50:ARG:HD2	0.63	2.24	1	2
1:A:58:VAL:HG12	1:A:63:HIS:CB	0.63	2.23	12	4
1:A:89:LYS:HG2	1:A:90:PHE:H	0.63	1.51	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:ILE:HG23	1:A:35:ASN:HD21	0.63	1.52	2	2
1:A:89:LYS:CG	1:A:90:PHE:CD1	0.63	2.80	2	1
1:A:53:ILE:CG1	1:A:56:LYS:NZ	0.63	2.61	4	1
1:A:26:MET:CG	1:A:73:TYR:HB2	0.63	2.24	12	3
1:A:41:LYS:HZ2	1:A:46:ALA:CB	0.63	2.06	17	1
1:A:73:TYR:CB	1:A:74:GLN:HE21	0.63	2.05	17	1
1:A:79:PRO:CB	1:A:81:ASN:OD1	0.63	2.46	19	3
1:A:77:TRP:HD1	1:A:77:TRP:N	0.63	1.90	12	7
1:A:119:HIS:O	1:A:119:HIS:CD2	0.63	2.51	1	2
1:A:31:ASP:CB	1:A:33:TRP:HZ2	0.63	2.02	11	2
1:A:5:ILE:HA	1:A:18:PHE:HD1	0.63	1.39	4	3
1:A:34:VAL:HG12	1:A:83:ALA:HB1	0.63	1.70	11	2
1:A:28:ARG:CG	1:A:30:LYS:HB2	0.63	2.24	11	1
1:A:50:ARG:HG2	1:A:54:LEU:CD2	0.63	2.17	5	1
1:A:28:ARG:CG	1:A:77:TRP:CE3	0.63	2.81	5	1
1:A:26:MET:CG	1:A:74:GLN:NE2	0.63	2.60	19	2
1:A:34:VAL:HG11	1:A:38:HIS:CE1	0.63	2.28	19	1
1:A:32:ASP:CG	1:A:80:LEU:HD23	0.63	2.14	7	1
1:A:63:HIS:CD2	1:A:63:HIS:H	0.63	2.12	13	2
1:A:118:HIS:C	1:A:118:HIS:ND1	0.63	2.46	4	1
1:A:90:PHE:CD1	1:A:90:PHE:N	0.63	2.67	3	1
1:A:35:ASN:ND2	1:A:38:HIS:CG	0.63	2.67	6	1
1:A:40:LEU:CB	1:A:44:ASN:HD22	0.63	2.05	14	2
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:HZ3	0.63	1.52	1	2
1:A:66:VAL:HG11	1:A:70:PHE:O	0.63	1.84	5	1
1:A:36:ALA:C	1:A:39:ILE:CG2	0.63	2.66	13	1
1:A:5:ILE:CG1	1:A:18:PHE:CZ	0.63	2.74	3	2
1:A:38:HIS:CE1	1:A:39:ILE:HG13	0.63	2.29	3	1
1:A:72:LYS:CE	1:A:73:TYR:HE1	0.63	2.07	15	2
1:A:28:ARG:HD2	1:A:30:LYS:CB	0.63	2.23	11	1
1:A:26:MET:CE	1:A:73:TYR:HD2	0.63	2.07	17	1
1:A:89:LYS:HB3	1:A:89:LYS:HZ1	0.63	1.53	17	1
1:A:50:ARG:HH22	1:A:53:ILE:CG1	0.63	2.07	8	1
1:A:16:TYR:O	1:A:26:MET:HG2	0.63	1.93	4	3
1:A:117:HIS:HD2	1:A:118:HIS:N	0.63	1.91	3	2
1:A:20:HIS:HE1	1:A:95:GLN:HG2	0.63	1.53	15	1
1:A:53:ILE:HG13	1:A:54:LEU:H	0.63	1.53	10	1
1:A:8:ALA:HB1	1:A:26:MET:HE2	0.63	1.70	10	1
1:A:64:GLU:HB3	1:A:77:TRP:CG	0.63	2.28	9	2
1:A:13:VAL:CG2	1:A:30:LYS:CD	0.63	2.77	11	1
1:A:65:LYS:NZ	1:A:67:GLN:CD	0.63	2.52	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:20:HIS:CE1	1:A:92:VAL:HG12	0.63	2.19	4	1
1:A:78:VAL:HG12	1:A:79:PRO:HD2	0.63	1.71	11	5
1:A:28:ARG:CG	1:A:33:TRP:CH2	0.63	2.80	12	1
1:A:28:ARG:HD3	1:A:30:LYS:CG	0.63	2.24	13	1
1:A:16:TYR:HB2	1:A:18:PHE:CE2	0.63	2.25	4	2
1:A:36:ALA:CB	1:A:58:VAL:CG1	0.63	2.70	4	1
1:A:65:LYS:HD2	1:A:65:LYS:N	0.63	2.08	3	1
1:A:57:GLU:OE2	1:A:86:LEU:CD1	0.63	2.47	18	1
1:A:28:ARG:HD2	1:A:77:TRP:HZ3	0.63	1.54	16	1
1:A:57:GLU:O	1:A:61:GLU:HG2	0.62	1.87	4	3
1:A:34:VAL:HG13	1:A:78:VAL:CG2	0.62	2.24	1	1
1:A:79:PRO:O	1:A:82:ILE:HG13	0.62	1.94	1	3
1:A:96:LEU:HD12	1:A:100:PHE:CZ	0.62	2.28	5	2
1:A:39:ILE:HG23	1:A:40:LEU:N	0.62	2.09	13	1
1:A:22:THR:CG2	1:A:38:HIS:CG	0.62	2.82	11	1
1:A:20:HIS:HE1	1:A:96:LEU:HA	0.62	1.51	18	2
1:A:6:TYR:CG	1:A:17:GLU:OE2	0.62	2.52	17	1
1:A:89:LYS:HB3	1:A:89:LYS:HZ2	0.62	1.50	17	1
1:A:34:VAL:N	1:A:78:VAL:H	0.62	1.91	3	12
1:A:37:THR:HG21	1:A:41:LYS:HE2	0.62	1.69	2	2
1:A:47:LYS:NZ	1:A:47:LYS:HB2	0.62	2.09	19	1
1:A:92:VAL:CG2	1:A:96:LEU:CD2	0.62	2.77	10	2
1:A:96:LEU:HB3	1:A:100:PHE:CD1	0.62	2.29	3	1
1:A:35:ASN:HB2	1:A:38:HIS:CE1	0.62	2.28	6	1
1:A:28:ARG:NH1	1:A:33:TRP:CE2	0.62	2.66	8	1
1:A:62:THR:CG2	1:A:79:PRO:CG	0.62	2.76	8	1
1:A:21:SER:HB3	1:A:42:ALA:CA	0.62	2.14	1	1
1:A:66:VAL:HG11	1:A:70:PHE:C	0.62	2.12	5	1
1:A:13:VAL:CG2	1:A:30:LYS:CE	0.62	2.77	19	1
1:A:8:ALA:HB3	1:A:15:VAL:HG22	0.62	1.70	10	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:39:ILE:HG13	0.62	2.30	10	1
1:A:91:SER:OG	1:A:92:VAL:CG2	0.62	2.47	10	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:99:LEU:HD12	0.62	2.29	18	1
1:A:34:VAL:HG21	1:A:39:ILE:HD13	0.62	1.65	6	1
1:A:27:LYS:CG	1:A:34:VAL:HG23	0.62	2.24	8	1
1:A:96:LEU:CB	1:A:99:LEU:HD21	0.62	2.24	19	1
1:A:92:VAL:CA	1:A:96:LEU:HD21	0.62	2.23	19	1
1:A:50:ARG:HH22	1:A:54:LEU:HB2	0.62	1.50	7	1
1:A:74:GLN:HB2	1:A:77:TRP:HD1	0.62	1.53	13	1
1:A:71:GLY:HA3	1:A:74:GLN:NE2	0.62	2.09	2	1
1:A:72:LYS:HD2	1:A:73:TYR:CE1	0.62	2.30	12	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:67:GLN:C	1:A:70:PHE:CZ	0.62	2.72	17	1
1:A:39:ILE:O	1:A:92:VAL:CG2	0.62	2.48	8	1
1:A:49:LYS:HE2	1:A:53:ILE:HG12	0.62	1.66	1	1
1:A:13:VAL:CG1	1:A:30:LYS:HE2	0.62	2.13	13	2
1:A:41:LYS:CD	1:A:41:LYS:N	0.62	2.59	9	2
1:A:15:VAL:HG23	1:A:16:TYR:N	0.62	2.08	16	3
1:A:58:VAL:CG2	1:A:59:LEU:N	0.62	2.63	18	2
1:A:13:VAL:HG11	1:A:28:ARG:HD2	0.62	1.71	11	1
1:A:66:VAL:HG12	1:A:74:GLN:OE1	0.62	1.94	1	1
1:A:14:ASP:HB3	1:A:29:LYS:HB3	0.62	1.70	13	1
1:A:9:ARG:CG	1:A:14:ASP:N	0.62	2.55	2	1
1:A:36:ALA:CB	1:A:54:LEU:HD23	0.62	2.24	4	1
1:A:16:TYR:CD2	1:A:18:PHE:HE2	0.62	2.05	3	1
1:A:28:ARG:HG2	1:A:33:TRP:CZ3	0.62	2.30	12	1
1:A:50:ARG:N	1:A:50:ARG:HH11	0.62	1.93	14	1
1:A:42:ALA:HB1	1:A:92:VAL:HG21	0.62	1.69	12	3
1:A:58:VAL:HG12	1:A:59:LEU:N	0.62	2.08	19	6
1:A:66:VAL:HG12	1:A:72:LYS:N	0.62	2.10	5	1
1:A:13:VAL:HG11	1:A:28:ARG:HH12	0.62	1.54	13	1
1:A:67:GLN:CD	1:A:67:GLN:N	0.62	2.53	10	1
1:A:66:VAL:HG23	1:A:75:GLY:N	0.62	2.09	9	3
1:A:6:TYR:OH	1:A:19:ILE:HG23	0.62	1.95	12	1
1:A:38:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HD13	0.62	2.07	13	2
1:A:5:ILE:CD1	1:A:99:LEU:CA	0.62	2.75	5	2
1:A:93:TYR:CD1	1:A:93:TYR:O	0.62	2.52	4	2
1:A:35:ASN:ND2	1:A:38:HIS:HB2	0.62	2.10	6	1
1:A:53:ILE:HG23	1:A:54:LEU:N	0.62	2.09	6	1
1:A:72:LYS:CB	1:A:72:LYS:NZ	0.62	2.59	6	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:99:LEU:HB2	0.62	2.29	1	1
1:A:41:LYS:HA	1:A:44:ASN:HD22	0.62	1.54	12	3
1:A:41:LYS:CE	1:A:54:LEU:HD13	0.62	2.24	15	1
1:A:44:ASN:HD21	1:A:50:ARG:HD3	0.62	1.54	5	1
1:A:123:VAL:CG1	1:A:123:VAL:O	0.62	2.47	2	2
1:A:117:HIS:CG	1:A:117:HIS:O	0.62	2.52	11	2
1:A:94:ASP:CG	1:A:95:GLN:H	0.62	1.97	4	1
1:A:26:MET:HE2	1:A:71:GLY:HA2	0.62	1.69	3	1
1:A:92:VAL:O	1:A:93:TYR:C	0.61	2.37	12	19
1:A:56:LYS:HG2	1:A:57:GLU:N	0.61	2.10	19	2
1:A:20:HIS:CE1	1:A:42:ALA:HB2	0.61	2.30	4	1
1:A:122:LYS:N	1:A:122:LYS:HD3	0.61	2.09	4	1
1:A:15:VAL:HG12	1:A:16:TYR:N	0.61	2.10	11	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:41:LYS:HZ2	1:A:50:ARG:HG2	0.61	1.55	6	1
1:A:27:LYS:HE2	1:A:34:VAL:HG22	0.61	1.72	14	1
1:A:66:VAL:CG2	1:A:66:VAL:O	0.61	2.48	1	1
1:A:92:VAL:HG13	1:A:95:GLN:HB3	0.61	1.71	2	2
1:A:20:HIS:HE2	1:A:92:VAL:HG11	0.61	1.48	19	1
1:A:92:VAL:HG12	1:A:92:VAL:O	0.61	1.95	2	2
1:A:79:PRO:O	1:A:82:ILE:HG22	0.61	1.94	4	2
1:A:10:TYR:O	1:A:10:TYR:HD1	0.61	1.78	6	1
1:A:41:LYS:HZ2	1:A:50:ARG:CG	0.61	2.08	6	1
1:A:40:LEU:O	1:A:44:ASN:CB	0.61	2.48	14	2
1:A:14:ASP:C	1:A:29:LYS:HB2	0.61	2.13	2	2
1:A:24:SER:CB	1:A:73:TYR:CZ	0.61	2.83	13	2
1:A:96:LEU:H	1:A:96:LEU:CD2	0.61	1.76	6	2
1:A:9:ARG:C	1:A:9:ARG:HD2	0.61	2.16	2	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:39:ILE:CG1	0.61	2.82	10	1
1:A:66:VAL:HB	1:A:77:TRP:CZ2	0.61	2.30	16	1
1:A:35:ASN:HA	1:A:77:TRP:N	0.61	2.10	17	3
1:A:54:LEU:N	1:A:54:LEU:CD1	0.61	2.64	5	1
1:A:88:GLU:CA	1:A:100:PHE:HE2	0.61	2.08	5	1
1:A:39:ILE:HA	1:A:92:VAL:HG22	0.61	1.73	6	3
1:A:8:ALA:HB3	1:A:17:GLU:OE2	0.61	1.93	18	1
1:A:63:HIS:O	1:A:63:HIS:CG	0.61	2.52	6	4
1:A:61:GLU:CG	1:A:78:VAL:CG1	0.61	2.79	1	1
1:A:31:ASP:H	1:A:33:TRP:HE1	0.61	1.39	12	9
1:A:60:LYS:C	1:A:61:GLU:CD	0.61	2.58	18	1
1:A:44:ASN:HB2	1:A:50:ARG:NE	0.61	2.10	8	1
1:A:38:HIS:O	1:A:38:HIS:HD2	0.61	1.79	14	1
1:A:15:VAL:HB	1:A:27:LYS:H	0.61	1.55	1	1
1:A:97:LYS:HB3	1:A:98:PRO:CD	0.61	2.25	5	3
1:A:34:VAL:HG12	1:A:38:HIS:HD1	0.61	1.55	19	1
1:A:61:GLU:OE2	1:A:79:PRO:CD	0.61	2.49	16	1
1:A:26:MET:CG	1:A:73:TYR:CB	0.61	2.78	16	1
1:A:62:THR:OG1	1:A:79:PRO:HD2	0.61	1.94	4	3
1:A:55:GLU:OE1	1:A:59:LEU:CB	0.61	2.48	10	1
1:A:17:GLU:HG2	1:A:26:MET:CG	0.61	2.25	18	1
1:A:65:LYS:HB2	1:A:67:GLN:HE22	0.61	1.53	18	2
1:A:54:LEU:CD1	1:A:58:VAL:HB	0.61	2.26	1	1
1:A:36:ALA:HB1	1:A:54:LEU:CD1	0.61	2.22	19	1
1:A:8:ALA:CB	1:A:10:TYR:HE2	0.61	1.95	19	1
1:A:6:TYR:HD2	1:A:17:GLU:HB2	0.61	1.56	7	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:53:ILE:HG22	0.61	2.26	8	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:LEU:O	1:A:58:VAL:HG12	0.61	1.96	6	2
1:A:40:LEU:HB3	1:A:50:ARG:NE	0.61	2.11	4	1
1:A:26:MET:HE3	1:A:71:GLY:HA2	0.61	1.71	4	1
1:A:42:ALA:HB1	1:A:92:VAL:HG22	0.61	1.72	9	1
1:A:84:LYS:HG3	1:A:100:PHE:HZ	0.61	1.55	17	1
1:A:16:TYR:CD1	1:A:27:LYS:HD3	0.61	2.30	17	1
1:A:47:LYS:HZ1	1:A:47:LYS:HB3	0.61	1.52	12	1
1:A:92:VAL:HG12	1:A:96:LEU:N	0.61	2.10	2	3
1:A:11:SER:O	1:A:13:VAL:HG23	0.61	1.96	9	7
1:A:10:TYR:O	1:A:13:VAL:O	0.61	2.18	15	9
1:A:55:GLU:HG2	1:A:59:LEU:CD1	0.61	2.22	3	1
1:A:25:ILE:HD13	1:A:35:ASN:OD1	0.61	1.94	9	1
1:A:32:ASP:O	1:A:80:LEU:CD1	0.61	2.48	11	2
1:A:47:LYS:CG	1:A:49:LYS:H	0.61	2.09	11	1
1:A:81:ASN:CA	1:A:84:LYS:HD3	0.61	2.25	18	1
1:A:46:ALA:HA	1:A:50:ARG:CB	0.61	2.26	17	15
1:A:34:VAL:HG13	1:A:78:VAL:HG23	0.61	1.73	7	3
1:A:84:LYS:O	1:A:88:GLU:HG2	0.61	1.95	19	7
1:A:44:ASN:HB2	1:A:50:ARG:HH22	0.61	1.55	4	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:19:ILE:O	0.61	2.54	11	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:50:ARG:HB2	0.61	2.10	6	1
1:A:14:ASP:C	1:A:29:LYS:HG2	0.61	2.13	8	1
1:A:41:LYS:O	1:A:41:LYS:CD	0.60	2.49	7	1
1:A:96:LEU:CG	1:A:99:LEU:HD23	0.60	2.26	7	1
1:A:64:GLU:HG3	1:A:77:TRP:CH2	0.60	2.27	13	1
1:A:16:TYR:CE1	1:A:25:ILE:O	0.60	2.53	15	2
1:A:27:LYS:HD2	1:A:32:ASP:CA	0.60	2.24	9	1
1:A:90:PHE:O	1:A:90:PHE:CG	0.60	2.53	12	1
1:A:40:LEU:HD13	1:A:40:LEU:N	0.60	2.11	7	1
1:A:6:TYR:CD2	1:A:17:GLU:C	0.60	2.73	7	1
1:A:66:VAL:H	1:A:75:GLY:HA2	0.60	1.57	7	2
1:A:11:SER:O	1:A:13:VAL:HG22	0.60	1.96	3	1
1:A:93:TYR:C	1:A:96:LEU:HD11	0.60	2.16	10	1
1:A:31:ASP:OD1	1:A:33:TRP:HZ2	0.60	1.77	18	1
1:A:84:LYS:CG	1:A:100:PHE:HZ	0.60	2.09	17	1
1:A:49:LYS:CB	1:A:50:ARG:CZ	0.60	2.78	19	1
1:A:36:ALA:CB	1:A:54:LEU:CD2	0.60	2.78	13	2
1:A:69:GLY:C	1:A:70:PHE:CD1	0.60	2.75	13	1
1:A:62:THR:OG1	1:A:79:PRO:HD3	0.60	1.91	3	2
1:A:55:GLU:CB	1:A:59:LEU:HD12	0.60	2.26	3	1
1:A:58:VAL:HG11	1:A:76:THR:HG22	0.60	1.73	15	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:LEU:HD22	1:A:58:VAL:CG2	0.60	2.12	14	1
1:A:58:VAL:CG1	1:A:78:VAL:HG13	0.60	2.27	4	3
1:A:22:THR:O	1:A:22:THR:HG22	0.60	1.96	1	2
1:A:45:PHE:CD1	1:A:45:PHE:N	0.60	2.69	5	3
1:A:13:VAL:CG1	1:A:30:LYS:CG	0.60	2.73	9	2
1:A:56:LYS:CD	1:A:60:LYS:CE	0.60	2.69	6	1
1:A:28:ARG:HG2	1:A:33:TRP:CZ2	0.60	2.31	17	1
1:A:19:ILE:HD12	1:A:24:SER:CB	0.60	2.26	16	1
1:A:64:GLU:OE1	1:A:77:TRP:CE3	0.60	2.44	16	1
1:A:34:VAL:HG21	1:A:99:LEU:HD11	0.60	1.72	16	1
1:A:73:TYR:H	1:A:74:GLN:NE2	0.60	1.93	14	2
1:A:20:HIS:HE1	1:A:96:LEU:CD1	0.60	1.97	7	1
1:A:93:TYR:HA	1:A:100:PHE:HE2	0.60	1.56	13	2
1:A:117:HIS:NE2	1:A:118:HIS:HE1	0.60	1.87	4	1
1:A:64:GLU:O	1:A:75:GLY:C	0.60	2.39	11	2
1:A:54:LEU:HG	1:A:58:VAL:HG11	0.60	1.72	9	1
1:A:50:ARG:HA	1:A:50:ARG:HE	0.60	1.55	18	1
1:A:25:ILE:CA	1:A:35:ASN:OD1	0.60	2.49	6	1
1:A:90:PHE:O	1:A:90:PHE:CD1	0.60	2.55	12	1
1:A:93:TYR:CA	1:A:96:LEU:CD1	0.60	2.70	10	2
1:A:42:ALA:HB1	1:A:92:VAL:HG13	0.60	1.71	5	2
1:A:13:VAL:HG21	1:A:30:LYS:HG3	0.60	1.72	2	1
1:A:40:LEU:HD13	1:A:44:ASN:ND2	0.60	2.12	2	2
1:A:97:LYS:CG	1:A:101:ASP:OD2	0.60	2.48	4	1
1:A:9:ARG:HH21	1:A:12:GLY:C	0.60	1.99	4	1
1:A:41:LYS:CG	1:A:46:ALA:HB2	0.60	2.26	3	2
1:A:92:VAL:HB	1:A:96:LEU:HD12	0.60	1.73	11	1
1:A:119:HIS:O	1:A:120:ALA:C	0.60	2.40	7	9
1:A:21:SER:CB	1:A:42:ALA:HB2	0.60	2.25	1	1
1:A:66:VAL:CG1	1:A:72:LYS:N	0.60	2.62	5	2
1:A:20:HIS:HB3	1:A:25:ILE:HG12	0.60	1.73	19	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:57:GLU:CD	0.60	2.16	7	1
1:A:18:PHE:HE2	1:A:20:HIS:CE1	0.60	2.08	13	1
1:A:55:GLU:O	1:A:59:LEU:CA	0.60	2.50	2	3
1:A:89:LYS:O	1:A:93:TYR:CG	0.60	2.55	18	1
1:A:39:ILE:HG22	1:A:40:LEU:HD22	0.60	1.74	6	2
1:A:18:PHE:CE2	1:A:98:PRO:CD	0.60	2.84	8	1
1:A:33:TRP:HB2	1:A:77:TRP:HB3	0.60	1.72	14	1
1:A:20:HIS:HE2	1:A:99:LEU:HB2	0.60	1.55	1	1
1:A:50:ARG:NH1	1:A:54:LEU:HD13	0.60	2.11	5	1
1:A:32:ASP:CG	1:A:80:LEU:HB3	0.60	2.16	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:92:VAL:HG13	1:A:96:LEU:HG	0.60	1.71	13	2
1:A:5:ILE:HD11	1:A:99:LEU:CB	0.60	2.22	17	2
1:A:37:THR:HA	1:A:41:LYS:HD2	0.60	1.72	6	1
1:A:25:ILE:HG23	1:A:38:HIS:HB3	0.60	1.72	16	1
1:A:28:ARG:CG	1:A:33:TRP:CD2	0.60	2.85	12	1
1:A:7:SER:HA	1:A:16:TYR:CA	0.60	2.27	13	2
1:A:59:LEU:HA	1:A:63:HIS:CB	0.60	2.20	4	1
1:A:16:TYR:OH	1:A:25:ILE:CG2	0.60	2.50	3	1
1:A:91:SER:HG	1:A:92:VAL:CG2	0.60	2.10	10	1
1:A:28:ARG:HD2	1:A:30:LYS:CG	0.60	2.27	11	1
1:A:61:GLU:OE1	1:A:78:VAL:HG12	0.60	1.96	11	1
1:A:98:PRO:HA	1:A:101:ASP:OD2	0.60	1.96	8	2
1:A:40:LEU:CG	1:A:44:ASN:HD22	0.59	2.09	14	1
1:A:52:ARG:HH11	1:A:52:ARG:HG2	0.59	1.55	14	1
1:A:8:ALA:CB	1:A:17:GLU:OE1	0.59	2.49	2	3
1:A:44:ASN:ND2	1:A:53:ILE:HG21	0.59	2.12	7	1
1:A:92:VAL:HG23	1:A:96:LEU:CD1	0.59	2.26	18	2
1:A:62:THR:HB	1:A:78:VAL:CG1	0.59	2.26	3	1
1:A:62:THR:HB	1:A:78:VAL:HA	0.59	1.74	3	1
1:A:4:GLN:HB3	1:A:6:TYR:HE1	0.59	1.57	10	1
1:A:27:LYS:HD3	1:A:32:ASP:CB	0.59	2.27	9	1
1:A:88:GLU:HB2	1:A:100:PHE:CE1	0.59	2.31	11	1
1:A:15:VAL:HG23	1:A:26:MET:HE3	0.59	1.73	6	1
1:A:98:PRO:O	1:A:101:ASP:CG	0.59	2.40	8	1
1:A:84:LYS:CG	1:A:100:PHE:CE1	0.59	2.86	5	3
1:A:13:VAL:HG13	1:A:29:LYS:HE2	0.59	1.73	2	1
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:CB	0.59	2.70	2	1
1:A:80:LEU:HD13	1:A:84:LYS:HD3	0.59	1.71	10	1
1:A:42:ALA:C	1:A:95:GLN:NE2	0.59	2.55	10	1
1:A:116:LYS:HD2	1:A:117:HIS:H	0.59	1.58	9	1
1:A:15:VAL:HG22	1:A:16:TYR:N	0.59	2.10	8	1
1:A:33:TRP:HB2	1:A:77:TRP:CB	0.59	2.27	14	2
1:A:20:HIS:ND1	1:A:96:LEU:HG	0.59	2.12	7	1
1:A:99:LEU:CG	1:A:100:PHE:CE1	0.59	2.85	7	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:96:LEU:CD1	0.59	2.78	13	1
1:A:93:TYR:CE1	1:A:94:ASP:CA	0.59	2.85	13	1
1:A:54:LEU:HD23	1:A:58:VAL:HG22	0.59	1.72	14	1
1:A:66:VAL:HA	1:A:70:PHE:CZ	0.59	2.32	14	1
1:A:16:TYR:HD2	1:A:27:LYS:HD2	0.59	1.55	7	1
1:A:54:LEU:CD2	1:A:76:THR:CG2	0.59	2.51	7	1
1:A:41:LYS:CE	1:A:46:ALA:H	0.59	2.10	16	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:26:MET:CB	1:A:74:GLN:HE21	0.59	2.01	3	2
1:A:68:GLY:CA	1:A:70:PHE:CZ	0.59	2.85	15	1
1:A:7:SER:N	1:A:17:GLU:OE1	0.59	2.35	9	1
1:A:72:LYS:HE3	1:A:73:TYR:CD2	0.59	2.32	11	2
1:A:4:GLN:CA	1:A:18:PHE:CZ	0.59	2.85	1	1
1:A:95:GLN:HB3	1:A:96:LEU:HD23	0.59	1.73	13	3
1:A:59:LEU:HD22	1:A:59:LEU:O	0.59	1.98	2	2
1:A:16:TYR:HD2	1:A:27:LYS:NZ	0.59	1.95	3	1
1:A:84:LYS:HB2	1:A:100:PHE:CE2	0.59	2.32	17	1
1:A:93:TYR:CE1	1:A:94:ASP:CB	0.59	2.86	13	2
1:A:92:VAL:O	1:A:96:LEU:HD12	0.59	1.95	4	4
1:A:92:VAL:CG2	1:A:96:LEU:HD23	0.59	2.27	10	1
1:A:35:ASN:OD1	1:A:74:GLN:HB3	0.59	1.98	17	1
1:A:9:ARG:N	1:A:10:TYR:CE1	0.59	2.71	5	2
1:A:9:ARG:NH2	1:A:14:ASP:CB	0.59	2.66	7	1
1:A:40:LEU:CG	1:A:57:GLU:OE2	0.59	2.49	7	1
1:A:80:LEU:CD1	1:A:84:LYS:CD	0.59	2.81	10	2
1:A:65:LYS:HG3	1:A:67:GLN:HE22	0.59	1.56	13	1
1:A:41:LYS:HG3	1:A:50:ARG:HG3	0.59	1.74	4	1
1:A:11:SER:OG	1:A:13:VAL:CG2	0.59	2.51	17	2
1:A:54:LEU:CG	1:A:58:VAL:HG11	0.59	2.27	9	1
1:A:26:MET:CA	1:A:74:GLN:HB3	0.59	2.27	16	1
1:A:11:SER:CA	1:A:70:PHE:CE2	0.59	2.84	1	1
1:A:32:ASP:OD1	1:A:80:LEU:HD22	0.59	1.97	5	1
1:A:85:GLN:CA	1:A:88:GLU:CD	0.59	2.70	2	2
1:A:52:ARG:NE	1:A:52:ARG:CA	0.59	2.66	4	1
1:A:44:ASN:OD1	1:A:50:ARG:HG2	0.59	1.96	10	1
1:A:41:LYS:HE2	1:A:44:ASN:OD1	0.59	1.98	6	1
1:A:80:LEU:N	1:A:80:LEU:HD23	0.59	2.13	12	2
1:A:18:PHE:O	1:A:25:ILE:HD13	0.59	1.98	19	1
1:A:36:ALA:HB3	1:A:54:LEU:CD2	0.59	2.17	13	2
1:A:13:VAL:CG2	1:A:30:LYS:CG	0.59	2.76	11	2
1:A:34:VAL:C	1:A:78:VAL:H	0.59	2.00	3	4
1:A:65:LYS:N	1:A:65:LYS:HD3	0.59	2.13	12	1
1:A:33:TRP:HH2	1:A:62:THR:HG21	0.58	1.53	19	1
1:A:40:LEU:HB2	1:A:50:ARG:HH21	0.58	1.58	7	1
1:A:45:PHE:CD1	1:A:47:LYS:HE3	0.58	2.33	7	1
1:A:65:LYS:CG	1:A:67:GLN:HE21	0.58	2.11	7	1
1:A:96:LEU:CD2	1:A:99:LEU:HD23	0.58	2.24	7	1
1:A:41:LYS:HD2	1:A:50:ARG:CG	0.58	2.27	15	1
1:A:118:HIS:CE1	1:A:119:HIS:O	0.58	2.56	9	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:22:THR:HG23	1:A:41:LYS:HZ1	0.58	1.56	18	1
1:A:16:TYR:O	1:A:27:LYS:CD	0.58	2.48	16	1
1:A:26:MET:CB	1:A:74:GLN:HE22	0.58	2.05	16	1
1:A:74:GLN:NE2	1:A:75:GLY:H	0.58	1.96	12	1
1:A:35:ASN:ND2	1:A:37:THR:OG1	0.58	2.32	13	4
1:A:58:VAL:O	1:A:59:LEU:C	0.58	2.42	12	17
1:A:72:LYS:HG2	1:A:72:LYS:O	0.58	1.98	15	3
1:A:6:TYR:HD1	1:A:6:TYR:N	0.58	1.96	8	2
1:A:41:LYS:CA	1:A:50:ARG:NE	0.58	2.66	4	1
1:A:84:LYS:CB	1:A:100:PHE:HZ	0.58	2.11	17	1
1:A:61:GLU:HG2	1:A:82:ILE:CD1	0.58	2.27	16	1
1:A:6:TYR:O	1:A:16:TYR:CA	0.58	2.50	14	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:38:HIS:HD2	0.58	2.13	19	3
1:A:94:ASP:CA	1:A:97:LYS:CE	0.58	2.80	7	1
1:A:19:ILE:HA	1:A:24:SER:HA	0.58	1.74	3	3
1:A:36:ALA:HB3	1:A:54:LEU:HD11	0.58	1.76	9	3
1:A:16:TYR:CB	1:A:27:LYS:NZ	0.58	2.66	11	1
1:A:50:ARG:HA	1:A:53:ILE:HG22	0.58	1.75	6	1
1:A:26:MET:C	1:A:27:LYS:HZ2	0.58	2.02	1	1
1:A:92:VAL:O	1:A:92:VAL:HG12	0.58	1.97	1	1
1:A:38:HIS:C	1:A:42:ALA:HB2	0.58	2.17	6	11
1:A:7:SER:CA	1:A:16:TYR:HA	0.58	2.28	13	2
1:A:36:ALA:O	1:A:40:LEU:HB2	0.58	1.97	10	4
1:A:26:MET:N	1:A:74:GLN:HG2	0.58	2.13	2	1
1:A:43:ALA:C	1:A:44:ASN:ND2	0.58	2.56	4	1
1:A:92:VAL:HG21	1:A:96:LEU:HG	0.58	1.75	16	1
1:A:18:PHE:CG	1:A:20:HIS:CE1	0.58	2.91	8	1
1:A:71:GLY:O	1:A:74:GLN:CD	0.58	2.42	18	3
1:A:5:ILE:HG12	1:A:18:PHE:CZ	0.58	2.33	4	1
1:A:28:ARG:NH2	1:A:77:TRP:CB	0.58	2.66	5	1
1:A:56:LYS:O	1:A:60:LYS:CG	0.58	2.47	19	1
1:A:41:LYS:HD3	1:A:45:PHE:C	0.58	2.18	7	1
1:A:74:GLN:NE2	1:A:77:TRP:HE1	0.58	1.95	13	1
1:A:41:LYS:HD2	1:A:50:ARG:CB	0.58	2.28	15	1
1:A:18:PHE:CB	1:A:99:LEU:CD2	0.58	2.73	10	1
1:A:50:ARG:NE	1:A:53:ILE:HG12	0.58	2.11	10	1
1:A:16:TYR:CA	1:A:18:PHE:HE1	0.58	2.12	18	4
1:A:57:GLU:O	1:A:57:GLU:OE2	0.58	2.21	9	1
1:A:25:ILE:HG22	1:A:35:ASN:CB	0.58	2.27	16	1
1:A:27:LYS:NZ	1:A:117:HIS:HE1	0.58	1.90	12	1
1:A:6:TYR:CD2	1:A:17:GLU:CG	0.58	2.82	12	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:79:PRO:HB2	1:A:82:ILE:HG12	0.58	1.73	12	1
1:A:28:ARG:HH12	1:A:64:GLU:HG2	0.58	1.59	1	1
1:A:99:LEU:HD11	1:A:100:PHE:CD1	0.58	2.34	19	1
1:A:89:LYS:HB2	1:A:89:LYS:HZ2	0.58	1.55	7	1
1:A:92:VAL:CG1	1:A:92:VAL:O	0.58	2.52	13	2
1:A:4:GLN:C	1:A:6:TYR:CE1	0.58	2.77	15	1
1:A:5:ILE:CA	1:A:17:GLU:O	0.58	2.51	16	1
1:A:27:LYS:HG2	1:A:34:VAL:CA	0.58	2.28	8	1
1:A:93:TYR:N	1:A:93:TYR:CD1	0.58	2.72	12	1
1:A:9:ARG:NH2	1:A:14:ASP:HB2	0.58	2.14	7	2
1:A:67:GLN:O	1:A:70:PHE:HE2	0.58	1.74	2	1
1:A:25:ILE:HD13	1:A:38:HIS:HB2	0.58	1.76	17	1
1:A:55:GLU:CA	1:A:55:GLU:OE1	0.58	2.51	16	1
1:A:18:PHE:CZ	1:A:98:PRO:HD2	0.58	2.33	8	1
1:A:15:VAL:HB	1:A:26:MET:HG2	0.58	1.76	5	1
1:A:45:PHE:CE1	1:A:47:LYS:HE3	0.58	2.34	7	1
1:A:65:LYS:HZ2	1:A:67:GLN:CD	0.58	2.02	7	1
1:A:18:PHE:CZ	1:A:98:PRO:HB2	0.58	2.34	13	1
1:A:29:LYS:O	1:A:29:LYS:HD2	0.58	1.95	17	2
1:A:99:LEU:HD22	1:A:100:PHE:CE1	0.58	2.31	3	1
1:A:13:VAL:HG13	1:A:29:LYS:CB	0.58	2.06	6	2
1:A:40:LEU:CD1	1:A:54:LEU:HD22	0.58	2.29	18	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:54:LEU:HG	0.58	1.74	14	1
1:A:33:TRP:CE3	1:A:62:THR:HB	0.58	2.34	1	1
1:A:18:PHE:CZ	1:A:27:LYS:HG2	0.58	2.34	19	1
1:A:13:VAL:HG22	1:A:30:LYS:CE	0.58	2.29	19	1
1:A:59:LEU:C	1:A:59:LEU:HD22	0.58	2.16	12	2
1:A:74:GLN:NE2	1:A:75:GLY:O	0.58	2.37	4	1
1:A:33:TRP:CE3	1:A:79:PRO:HG3	0.58	2.34	3	1
1:A:64:GLU:O	1:A:76:THR:CA	0.57	2.49	14	3
1:A:97:LYS:CB	1:A:98:PRO:CD	0.57	2.82	8	14
1:A:88:GLU:HA	1:A:93:TYR:HB2	0.57	1.74	3	2
1:A:40:LEU:CG	1:A:44:ASN:ND2	0.57	2.66	19	1
1:A:117:HIS:ND1	1:A:118:HIS:O	0.57	2.33	4	2
1:A:31:ASP:CA	1:A:33:TRP:NE1	0.57	2.59	12	6
1:A:50:ARG:HD3	1:A:51:THR:N	0.57	2.14	6	2
1:A:80:LEU:O	1:A:84:LYS:HB2	0.57	1.99	16	1
1:A:49:LYS:CE	1:A:53:ILE:HD11	0.57	2.28	12	1
1:A:13:VAL:HG12	1:A:29:LYS:HB3	0.57	1.75	2	2
1:A:44:ASN:ND2	1:A:50:ARG:NH1	0.57	2.50	5	1
1:A:42:ALA:CB	1:A:92:VAL:HG13	0.57	2.29	17	6

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:53:ILE:CG1	1:A:56:LYS:HZ2	0.57	2.04	4	1
1:A:5:ILE:CB	1:A:18:PHE:CD1	0.57	2.86	3	2
1:A:63:HIS:CD2	1:A:63:HIS:C	0.57	2.74	3	1
1:A:87:ALA:O	1:A:91:SER:HB3	0.57	1.98	3	1
1:A:95:GLN:CA	1:A:95:GLN:NE2	0.57	2.64	15	1
1:A:93:TYR:O	1:A:97:LYS:CE	0.57	2.52	17	1
1:A:87:ALA:CA	1:A:92:VAL:HG23	0.57	2.24	14	1
1:A:14:ASP:CB	1:A:29:LYS:HD3	0.57	2.26	14	1
1:A:50:ARG:HA	1:A:50:ARG:CZ	0.57	2.30	5	2
1:A:67:GLN:OE1	1:A:67:GLN:CA	0.57	2.50	7	1
1:A:92:VAL:HG12	1:A:96:LEU:CB	0.57	2.28	2	1
1:A:5:ILE:CB	1:A:18:PHE:CE1	0.57	2.86	4	3
1:A:26:MET:CB	1:A:73:TYR:HB2	0.57	2.27	15	1
1:A:18:PHE:HD2	1:A:99:LEU:HG	0.57	1.60	16	1
1:A:88:GLU:N	1:A:100:PHE:HZ	0.57	1.98	8	1
1:A:18:PHE:CD2	1:A:25:ILE:CB	0.57	2.75	17	2
1:A:47:LYS:HG2	1:A:49:LYS:HB2	0.57	1.75	11	1
1:A:8:ALA:HB1	1:A:26:MET:HE3	0.57	1.61	6	1
1:A:28:ARG:CZ	1:A:77:TRP:CH2	0.57	2.87	16	1
1:A:28:ARG:HG2	1:A:33:TRP:CE3	0.57	2.34	12	1
1:A:29:LYS:O	1:A:32:ASP:OD1	0.57	2.22	12	1
1:A:14:ASP:HB3	1:A:29:LYS:CG	0.57	2.30	14	2
1:A:34:VAL:H	1:A:78:VAL:H	0.57	1.41	16	6
1:A:44:ASN:CG	1:A:50:ARG:CD	0.57	2.73	10	2
1:A:31:ASP:CG	1:A:31:ASP:O	0.57	2.41	6	2
1:A:122:LYS:HB3	1:A:122:LYS:HZ2	0.57	1.58	17	1
1:A:34:VAL:HB	1:A:39:ILE:CD1	0.57	2.29	14	1
1:A:117:HIS:O	1:A:117:HIS:CG	0.57	2.57	7	3
1:A:97:LYS:O	1:A:101:ASP:N	0.57	2.37	3	2
1:A:117:HIS:CD2	1:A:118:HIS:N	0.57	2.72	3	3
1:A:46:ALA:CB	1:A:50:ARG:HD2	0.57	2.30	16	2
1:A:19:ILE:HD13	1:A:23:GLY:HA2	0.57	1.76	10	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:98:PRO:HD2	0.57	2.34	8	1
1:A:88:GLU:HA	1:A:93:TYR:HA	0.57	1.75	14	1
1:A:94:ASP:O	1:A:97:LYS:HD2	0.57	2.00	7	1
1:A:62:THR:C	1:A:64:GLU:OE2	0.57	2.43	2	1
1:A:25:ILE:CG2	1:A:35:ASN:ND2	0.57	2.67	11	3
1:A:96:LEU:HD22	1:A:100:PHE:CE1	0.57	2.35	10	1
1:A:35:ASN:HB3	1:A:74:GLN:C	0.57	2.20	11	1
1:A:44:ASN:C	1:A:44:ASN:ND2	0.57	2.58	18	1
1:A:41:LYS:HE3	1:A:46:ALA:N	0.57	2.15	16	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:50:ARG:HH22	1:A:53:ILE:HG13	0.57	1.58	8	1
1:A:61:GLU:CG	1:A:78:VAL:HG11	0.57	2.29	1	1
1:A:80:LEU:HD21	1:A:84:LYS:HE3	0.57	1.77	1	1
1:A:44:ASN:OD1	1:A:44:ASN:O	0.57	2.23	3	1
1:A:9:ARG:C	1:A:10:TYR:HD1	0.57	2.01	3	1
1:A:22:THR:HG23	1:A:38:HIS:CD2	0.57	2.34	11	1
1:A:25:ILE:CG1	1:A:38:HIS:CB	0.57	2.81	16	2
1:A:50:ARG:HG3	1:A:54:LEU:HD12	0.57	1.77	13	2
1:A:69:GLY:C	1:A:70:PHE:HD1	0.57	2.01	13	1
1:A:28:ARG:HG3	1:A:28:ARG:O	0.57	1.98	11	1
1:A:28:ARG:HG2	1:A:33:TRP:NE1	0.57	2.15	17	2
1:A:27:LYS:NZ	1:A:34:VAL:HG22	0.57	2.14	16	1
1:A:87:ALA:O	1:A:88:GLU:C	0.57	2.43	14	17
1:A:58:VAL:HG11	1:A:63:HIS:CB	0.57	2.14	19	2
1:A:47:LYS:HG3	1:A:48:ALA:H	0.57	1.58	4	3
1:A:6:TYR:N	1:A:6:TYR:CD1	0.57	2.71	4	2
1:A:33:TRP:CZ3	1:A:62:THR:HG23	0.57	2.34	3	1
1:A:116:LYS:N	1:A:116:LYS:HD2	0.57	2.15	10	1
1:A:47:LYS:HG3	1:A:49:LYS:H	0.57	1.60	11	1
1:A:40:LEU:HB3	1:A:54:LEU:HD21	0.57	1.71	11	1
1:A:82:ILE:C	1:A:85:GLN:HG3	0.57	2.21	18	1
1:A:67:GLN:O	1:A:70:PHE:CD1	0.57	2.58	17	1
1:A:20:HIS:HB2	1:A:25:ILE:HG13	0.56	1.75	3	2
1:A:120:ALA:HB1	1:A:122:LYS:HE3	0.56	1.75	5	1
1:A:4:GLN:HG2	1:A:5:ILE:N	0.56	2.15	7	1
1:A:80:LEU:HD23	1:A:81:ASN:CA	0.56	2.30	13	1
1:A:40:LEU:HB3	1:A:50:ARG:HE	0.56	1.59	4	1
1:A:72:LYS:HD2	1:A:73:TYR:HD1	0.56	1.55	15	1
1:A:6:TYR:CD1	1:A:7:SER:O	0.56	2.58	11	1
1:A:50:ARG:CD	1:A:51:THR:N	0.56	2.67	6	1
1:A:45:PHE:O	1:A:50:ARG:HB2	0.56	2.00	17	1
1:A:66:VAL:O	1:A:66:VAL:CG1	0.56	2.53	8	1
1:A:5:ILE:CD1	1:A:99:LEU:HD23	0.56	2.28	5	1
1:A:89:LYS:HG2	1:A:90:PHE:CG	0.56	2.34	2	1
1:A:13:VAL:HG21	1:A:30:LYS:CD	0.56	2.28	11	1
1:A:118:HIS:N	1:A:118:HIS:HD2	0.56	1.92	6	1
1:A:17:GLU:HG3	1:A:26:MET:HG3	0.56	1.75	5	1
1:A:18:PHE:HD2	1:A:25:ILE:CB	0.56	2.13	19	1
1:A:26:MET:HG3	1:A:74:GLN:CD	0.56	2.20	19	1
1:A:36:ALA:O	1:A:39:ILE:HG23	0.56	2.01	13	1
1:A:74:GLN:NE2	1:A:75:GLY:C	0.56	2.59	4	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:93:TYR:HA	1:A:96:LEU:CD1	0.56	2.28	10	1
1:A:13:VAL:HG13	1:A:30:LYS:HG2	0.56	1.75	9	1
1:A:80:LEU:N	1:A:80:LEU:HD13	0.56	2.15	9	1
1:A:71:GLY:C	1:A:74:GLN:CD	0.56	2.64	18	1
1:A:97:LYS:HD2	1:A:97:LYS:N	0.56	2.12	17	1
1:A:87:ALA:C	1:A:89:LYS:N	0.56	2.58	14	17
1:A:66:VAL:O	1:A:72:LYS:HA	0.56	2.00	5	3
1:A:45:PHE:CD1	1:A:47:LYS:CD	0.56	2.88	7	1
1:A:68:GLY:HA3	1:A:70:PHE:HE2	0.56	1.60	7	1
1:A:57:GLU:OE2	1:A:86:LEU:HD22	0.56	1.98	13	2
1:A:58:VAL:O	1:A:63:HIS:CD2	0.56	2.58	13	2
1:A:16:TYR:CZ	1:A:25:ILE:HG22	0.56	2.35	3	1
1:A:20:HIS:NE2	1:A:96:LEU:HB3	0.56	2.15	18	2
1:A:72:LYS:HE2	1:A:73:TYR:HD1	0.56	1.61	6	1
1:A:53:ILE:CA	1:A:56:LYS:CD	0.56	2.79	4	1
1:A:80:LEU:HD11	1:A:84:LYS:HD3	0.56	1.78	10	1
1:A:54:LEU:HD23	1:A:58:VAL:CG1	0.56	2.30	9	1
1:A:13:VAL:HG13	1:A:30:LYS:N	0.56	2.16	11	1
1:A:52:ARG:O	1:A:55:GLU:HG3	0.56	2.00	6	2
1:A:38:HIS:HE2	1:A:96:LEU:HD22	0.56	0.79	5	2
1:A:41:LYS:HD2	1:A:45:PHE:HA	0.56	1.77	7	1
1:A:38:HIS:CD2	1:A:92:VAL:HG21	0.56	2.35	4	1
1:A:35:ASN:OD1	1:A:37:THR:OG1	0.56	2.22	10	2
1:A:96:LEU:HB3	1:A:100:PHE:CE1	0.56	2.36	3	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:99:LEU:HD11	0.56	2.35	18	1
1:A:9:ARG:NH1	1:A:9:ARG:CB	0.56	2.69	5	1
1:A:24:SER:O	1:A:25:ILE:CD1	0.56	2.54	4	3
1:A:41:LYS:HE2	1:A:46:ALA:H	0.56	1.60	4	2
1:A:55:GLU:OE1	1:A:59:LEU:HB2	0.56	2.00	10	1
1:A:6:TYR:O	1:A:17:GLU:CG	0.56	2.52	8	2
1:A:20:HIS:NE2	1:A:99:LEU:HD13	0.56	2.15	18	1
1:A:60:LYS:HB3	1:A:61:GLU:OE2	0.56	2.00	18	1
1:A:52:ARG:O	1:A:56:LYS:HB2	0.56	2.00	12	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:25:ILE:CB	0.56	2.88	5	2
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:H	0.56	1.61	19	1
1:A:96:LEU:HD12	1:A:100:PHE:CG	0.56	2.35	2	1
1:A:52:ARG:O	1:A:56:LYS:HB3	0.56	2.01	4	2
1:A:63:HIS:CA	1:A:76:THR:HG22	0.56	2.31	3	1
1:A:80:LEU:HD11	1:A:84:LYS:CD	0.56	2.31	10	1
1:A:41:LYS:HD2	1:A:54:LEU:HD11	0.56	1.75	6	1
1:A:58:VAL:CA	1:A:61:GLU:HG3	0.56	2.30	17	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:28:ARG:HH22	1:A:64:GLU:HG2	0.56	1.60	1	1
1:A:56:LYS:HG2	1:A:57:GLU:H	0.56	1.60	19	1
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:CE2	0.56	2.36	13	1
1:A:16:TYR:CE2	1:A:27:LYS:CE	0.56	2.89	4	1
1:A:40:LEU:C	1:A:50:ARG:HH21	0.56	2.04	4	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:53:ILE:HG23	0.56	2.28	4	1
1:A:20:HIS:HE1	1:A:42:ALA:HB2	0.56	1.57	4	1
1:A:41:LYS:HZ3	1:A:45:PHE:HA	0.56	1.58	14	1
1:A:65:LYS:HA	1:A:65:LYS:HE2	0.56	1.75	1	1
1:A:28:ARG:NH2	1:A:77:TRP:CG	0.56	2.72	5	1
1:A:44:ASN:OD1	1:A:44:ASN:C	0.56	2.44	7	2
1:A:95:GLN:HB3	1:A:96:LEU:CD2	0.56	2.30	8	3
1:A:9:ARG:CD	1:A:9:ARG:C	0.56	2.74	2	1
1:A:5:ILE:C	1:A:18:PHE:HE1	0.56	1.94	4	1
1:A:60:LYS:CD	1:A:61:GLU:N	0.56	2.68	3	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:95:GLN:HB2	0.56	2.35	16	2
1:A:97:LYS:HD2	1:A:97:LYS:C	0.56	2.21	16	1
1:A:6:TYR:CG	1:A:17:GLU:OE1	0.56	2.59	8	1
1:A:59:LEU:O	1:A:63:HIS:ND1	0.55	2.39	1	1
1:A:25:ILE:CG1	1:A:35:ASN:ND2	0.55	2.68	2	1
1:A:51:THR:O	1:A:55:GLU:HG3	0.55	2.00	2	1
1:A:68:GLY:HA3	1:A:70:PHE:HE1	0.55	1.55	17	1
1:A:74:GLN:CD	1:A:77:TRP:CE3	0.55	2.79	1	3
1:A:25:ILE:HG12	1:A:38:HIS:HB2	0.55	1.76	16	2
1:A:96:LEU:H	1:A:96:LEU:HD12	0.55	1.60	7	1
1:A:10:TYR:HE2	1:A:26:MET:CE	0.55	2.13	13	1
1:A:5:ILE:CG1	1:A:99:LEU:HD13	0.55	2.32	13	1
1:A:13:VAL:HG11	1:A:30:LYS:N	0.55	2.11	2	1
1:A:40:LEU:CG	1:A:53:ILE:HG22	0.55	2.29	12	2
1:A:50:ARG:HA	1:A:53:ILE:CG1	0.55	2.31	9	1
1:A:57:GLU:OE1	1:A:57:GLU:C	0.55	2.37	9	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:54:LEU:HD23	0.55	1.69	18	1
1:A:25:ILE:CG2	1:A:38:HIS:CB	0.55	2.81	16	1
1:A:61:GLU:OE2	1:A:79:PRO:CG	0.55	2.53	16	1
1:A:71:GLY:C	1:A:74:GLN:HE21	0.55	2.05	16	2
1:A:27:LYS:CG	1:A:80:LEU:HD11	0.55	2.30	11	1
1:A:35:ASN:CG	1:A:74:GLN:CB	0.55	2.75	11	1
1:A:25:ILE:HG21	1:A:38:HIS:CB	0.55	2.30	16	1
1:A:88:GLU:HA	1:A:93:TYR:CA	0.55	2.32	14	1
1:A:37:THR:O	1:A:41:LYS:HG3	0.55	2.01	13	1
1:A:85:GLN:CA	1:A:88:GLU:OE1	0.55	2.52	2	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:92:VAL:C	1:A:96:LEU:CD2	0.55	2.75	2	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:54:LEU:HD21	0.55	2.26	18	1
1:A:41:LYS:N	1:A:41:LYS:HE3	0.55	2.14	6	1
1:A:122:LYS:CB	1:A:122:LYS:HZ2	0.55	2.13	17	1
1:A:35:ASN:HD21	1:A:37:THR:HB	0.55	1.60	8	2
1:A:52:ARG:HB3	1:A:52:ARG:CZ	0.55	2.32	1	1
1:A:33:TRP:CH2	1:A:62:THR:CG2	0.55	2.80	19	2
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:NZ	0.55	2.73	3	1
1:A:96:LEU:HB2	1:A:100:PHE:CD1	0.55	2.37	10	2
1:A:50:ARG:N	1:A:50:ARG:HE	0.55	1.99	10	1
1:A:41:LYS:CE	1:A:50:ARG:HG3	0.55	2.30	9	1
1:A:22:THR:HG23	1:A:38:HIS:NE2	0.55	2.15	11	1
1:A:10:TYR:CZ	1:A:15:VAL:HG21	0.55	2.36	6	2
1:A:9:ARG:NH2	1:A:12:GLY:O	0.55	2.39	16	1
1:A:64:GLU:HG3	1:A:77:TRP:CE3	0.55	2.36	5	2
1:A:18:PHE:C	1:A:24:SER:HA	0.55	2.22	19	8
1:A:17:GLU:OE1	1:A:26:MET:CG	0.55	2.54	7	1
1:A:4:GLN:HG2	1:A:6:TYR:HD1	0.55	1.61	7	1
1:A:32:ASP:CG	1:A:32:ASP:O	0.55	2.45	2	2
1:A:60:LYS:CG	1:A:61:GLU:OE1	0.55	2.54	2	1
1:A:44:ASN:HD22	1:A:44:ASN:N	0.55	1.98	4	1
1:A:61:GLU:O	1:A:62:THR:CB	0.55	2.54	4	1
1:A:119:HIS:ND1	1:A:119:HIS:O	0.55	2.39	15	2
1:A:92:VAL:CG1	1:A:95:GLN:HE21	0.55	2.14	10	1
1:A:41:LYS:HE2	1:A:54:LEU:HD12	0.55	1.55	9	1
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:HZ2	0.55	1.62	11	1
1:A:19:ILE:CD1	1:A:24:SER:HB2	0.55	2.30	16	1
1:A:57:GLU:OE2	1:A:57:GLU:O	0.55	2.24	16	1
1:A:74:GLN:HE21	1:A:75:GLY:CA	0.55	2.15	12	1
1:A:73:TYR:H	1:A:74:GLN:HE22	0.55	1.42	14	3
1:A:5:ILE:HA	1:A:18:PHE:CE1	0.55	2.36	2	2
1:A:25:ILE:CD1	1:A:38:HIS:HB3	0.55	2.31	9	2
1:A:74:GLN:CG	1:A:75:GLY:N	0.55	2.69	12	3
1:A:10:TYR:OH	1:A:17:GLU:OE1	0.55	2.22	5	1
1:A:45:PHE:C	1:A:50:ARG:HD2	0.55	2.21	5	1
1:A:24:SER:HB2	1:A:73:TYR:CD1	0.55	2.37	19	1
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:CZ2	0.55	2.32	13	1
1:A:66:VAL:HB	1:A:74:GLN:HE22	0.55	1.61	13	2
1:A:99:LEU:O	1:A:99:LEU:HD22	0.55	2.02	2	1
1:A:44:ASN:ND2	1:A:50:ARG:HH21	0.55	2.00	4	1
1:A:91:SER:OG	1:A:92:VAL:HG23	0.55	2.02	10	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:122:LYS:HE3	1:A:122:LYS:HA	0.55	1.75	6	1
1:A:54:LEU:CA	1:A:58:VAL:CG2	0.55	2.82	4	2
1:A:59:LEU:C	1:A:59:LEU:CD2	0.55	2.75	9	2
1:A:55:GLU:OE1	1:A:55:GLU:HA	0.55	2.00	9	1
1:A:10:TYR:CD2	1:A:26:MET:HE2	0.55	2.36	6	1
1:A:16:TYR:CZ	1:A:32:ASP:HA	0.55	2.36	16	1
1:A:79:PRO:CG	1:A:82:ILE:CG2	0.55	2.85	14	2
1:A:58:VAL:HA	1:A:61:GLU:HG2	0.55	1.79	1	1
1:A:18:PHE:CD2	1:A:25:ILE:C	0.55	2.74	19	1
1:A:50:ARG:NH1	1:A:50:ARG:HG2	0.55	2.17	3	1
1:A:18:PHE:HE2	1:A:27:LYS:CD	0.55	2.04	6	1
1:A:58:VAL:HA	1:A:61:GLU:HG3	0.55	1.79	17	1
1:A:92:VAL:HG22	1:A:95:GLN:HB3	0.55	1.76	12	1
1:A:21:SER:C	1:A:41:LYS:HZ3	0.54	2.04	1	1
1:A:25:ILE:CB	1:A:35:ASN:ND2	0.54	2.69	2	1
1:A:86:LEU:CA	1:A:89:LYS:HD3	0.54	2.28	17	1
1:A:82:ILE:HG13	1:A:83:ALA:N	0.54	2.14	14	2
1:A:23:GLY:O	1:A:25:ILE:HD13	0.54	2.03	19	1
1:A:37:THR:HG23	1:A:41:LYS:HB3	0.54	1.78	16	2
1:A:66:VAL:HG13	1:A:77:TRP:CD2	0.54	2.36	9	1
1:A:20:HIS:HD1	1:A:95:GLN:HG2	0.54	1.62	11	1
1:A:19:ILE:HD13	1:A:24:SER:HA	0.54	1.80	16	2
1:A:121:SER:O	1:A:121:SER:OG	0.54	2.23	17	1
1:A:63:HIS:CG	1:A:64:GLU:N	0.54	2.75	16	1
1:A:39:ILE:CA	1:A:92:VAL:HG21	0.54	2.22	14	1
1:A:19:ILE:C	1:A:23:GLY:O	0.54	2.45	19	19
1:A:4:GLN:HG2	1:A:6:TYR:CD1	0.54	2.36	7	1
1:A:6:TYR:CD1	1:A:17:GLU:O	0.54	2.57	7	1
1:A:5:ILE:CD1	1:A:99:LEU:CD1	0.54	2.85	13	1
1:A:13:VAL:HG13	1:A:29:LYS:CE	0.54	2.32	2	1
1:A:64:GLU:CA	1:A:77:TRP:NE1	0.54	2.70	9	1
1:A:64:GLU:HG2	1:A:78:VAL:HA	0.54	1.78	9	1
1:A:64:GLU:O	1:A:77:TRP:NE1	0.54	2.41	19	3
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:HZ3	0.54	2.06	5	1
1:A:27:LYS:CD	1:A:34:VAL:HG22	0.54	2.33	13	1
1:A:92:VAL:HG13	1:A:96:LEU:CD2	0.54	2.33	13	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:99:LEU:CD2	0.54	2.90	13	1
1:A:27:LYS:HG2	1:A:28:ARG:N	0.54	2.18	3	2
1:A:53:ILE:CG2	1:A:54:LEU:HD23	0.54	2.08	18	1
1:A:44:ASN:CG	1:A:53:ILE:CD1	0.54	2.75	17	1
1:A:35:ASN:ND2	1:A:35:ASN:C	0.54	2.60	14	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:64:GLU:CD	1:A:77:TRP:HZ3	0.54	2.01	14	1
1:A:16:TYR:H	1:A:27:LYS:H	0.54	1.44	2	3
1:A:28:ARG:NH1	1:A:64:GLU:CG	0.54	2.69	1	1
1:A:92:VAL:CG1	1:A:96:LEU:N	0.54	2.69	2	1
1:A:20:HIS:HE1	1:A:99:LEU:HB3	0.54	1.60	3	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:53:ILE:CG2	0.54	2.25	3	1
1:A:65:LYS:CA	1:A:67:GLN:OE1	0.54	2.56	9	1
1:A:22:THR:CB	1:A:38:HIS:CE1	0.54	2.90	8	2
1:A:67:GLN:O	1:A:70:PHE:CG	0.54	2.60	17	1
1:A:16:TYR:HD2	1:A:27:LYS:HG3	0.54	1.48	16	1
1:A:27:LYS:HZ1	1:A:34:VAL:CG2	0.54	2.12	16	1
1:A:63:HIS:CE1	1:A:64:GLU:C	0.54	2.80	16	1
1:A:5:ILE:HD11	1:A:99:LEU:HG	0.54	1.79	5	1
1:A:120:ALA:CB	1:A:122:LYS:HE3	0.54	2.33	5	1
1:A:97:LYS:C	1:A:101:ASP:OD2	0.54	2.46	3	4
1:A:51:THR:O	1:A:55:GLU:CG	0.54	2.56	2	2
1:A:33:TRP:CB	1:A:78:VAL:O	0.54	2.56	11	2
1:A:29:LYS:HD2	1:A:30:LYS:N	0.54	2.17	4	2
1:A:18:PHE:HB2	1:A:20:HIS:HE2	0.54	1.60	6	1
1:A:73:TYR:HB2	1:A:74:GLN:CD	0.54	2.23	14	2
1:A:66:VAL:N	1:A:75:GLY:O	0.54	2.41	19	1
1:A:96:LEU:CA	1:A:99:LEU:HD12	0.54	2.29	4	1
1:A:38:HIS:CE1	1:A:39:ILE:CG1	0.54	2.90	3	1
1:A:50:ARG:HA	1:A:50:ARG:NE	0.54	2.16	18	2
1:A:22:THR:HG23	1:A:41:LYS:HE3	0.54	1.80	8	1
1:A:45:PHE:O	1:A:50:ARG:CZ	0.54	2.55	14	1
1:A:38:HIS:HE2	1:A:96:LEU:HD23	0.54	1.58	1	1
1:A:48:ALA:C	1:A:51:THR:OG1	0.54	2.46	5	1
1:A:28:ARG:NE	1:A:77:TRP:CB	0.54	2.70	5	1
1:A:20:HIS:NE2	1:A:38:HIS:O	0.54	2.41	19	1
1:A:72:LYS:CE	1:A:72:LYS:C	0.54	2.74	19	1
1:A:35:ASN:CG	1:A:35:ASN:O	0.54	2.44	7	2
1:A:33:TRP:HE3	1:A:62:THR:CG2	0.54	2.14	16	2
1:A:79:PRO:CB	1:A:82:ILE:HG22	0.54	2.33	16	3
1:A:59:LEU:C	1:A:59:LEU:HD23	0.54	2.23	9	1
1:A:39:ILE:HG13	1:A:92:VAL:CG2	0.54	2.31	6	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:40:LEU:N	0.54	2.17	17	1
1:A:18:PHE:CD2	1:A:99:LEU:CB	0.54	2.90	16	1
1:A:11:SER:N	1:A:70:PHE:CZ	0.54	2.69	1	1
1:A:14:ASP:CG	1:A:29:LYS:NZ	0.54	2.62	5	1
1:A:68:GLY:CA	1:A:70:PHE:CE2	0.54	2.91	7	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:72:LYS:NZ	1:A:73:TYR:CG	0.54	2.72	2	1
1:A:116:LYS:HZ3	1:A:116:LYS:CB	0.54	2.16	3	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:95:GLN:OE1	0.54	2.61	11	1
1:A:35:ASN:OD1	1:A:74:GLN:CB	0.54	2.56	17	1
1:A:16:TYR:HD2	1:A:27:LYS:HD3	0.54	1.63	8	1
1:A:96:LEU:HB2	1:A:100:PHE:CE2	0.54	2.38	1	2
1:A:41:LYS:CB	1:A:50:ARG:HD2	0.54	2.32	13	1
1:A:93:TYR:CE1	1:A:94:ASP:N	0.54	2.74	13	1
1:A:4:GLN:HG2	1:A:6:TYR:HE1	0.54	1.62	2	1
1:A:97:LYS:CG	1:A:98:PRO:N	0.54	2.69	10	1
1:A:17:GLU:HB2	1:A:24:SER:OG	0.54	2.01	9	1
1:A:9:ARG:O	1:A:9:ARG:CD	0.54	2.51	11	1
1:A:31:ASP:OD1	1:A:31:ASP:C	0.54	2.45	6	1
1:A:54:LEU:HD23	1:A:58:VAL:HB	0.54	1.79	17	1
1:A:22:THR:O	1:A:22:THR:HG23	0.53	2.02	14	5
1:A:15:VAL:HG11	1:A:26:MET:CE	0.53	2.32	1	1
1:A:59:LEU:C	1:A:63:HIS:ND1	0.53	2.61	1	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:96:LEU:HD22	0.53	2.33	5	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:38:HIS:CA	0.53	2.91	19	1
1:A:20:HIS:HD1	1:A:38:HIS:CD2	0.53	2.14	7	1
1:A:28:ARG:HH11	1:A:30:LYS:HE3	0.53	1.58	7	1
1:A:66:VAL:HG22	1:A:75:GLY:N	0.53	2.16	7	3
1:A:10:TYR:HD2	1:A:26:MET:HE1	0.53	1.61	13	1
1:A:61:GLU:O	1:A:63:HIS:HD2	0.53	1.85	13	1
1:A:96:LEU:HD13	1:A:100:PHE:CD1	0.53	2.38	2	1
1:A:40:LEU:HG	1:A:53:ILE:CG2	0.53	2.33	4	2
1:A:59:LEU:HA	1:A:63:HIS:HD2	0.53	1.63	18	2
1:A:20:HIS:HE1	1:A:95:GLN:OE1	0.53	1.86	11	1
1:A:14:ASP:HB2	1:A:29:LYS:HG3	0.53	1.80	16	1
1:A:28:ARG:NH1	1:A:33:TRP:NE1	0.53	2.56	8	1
1:A:40:LEU:HD22	1:A:54:LEU:HD12	0.53	1.79	5	1
1:A:57:GLU:CG	1:A:86:LEU:HD21	0.53	2.31	2	1
1:A:31:ASP:OD1	1:A:33:TRP:CD1	0.53	2.60	4	2
1:A:40:LEU:HD13	1:A:44:ASN:OD1	0.53	1.96	11	1
1:A:16:TYR:HB2	1:A:18:PHE:HE1	0.53	1.61	12	1
1:A:19:ILE:HD13	1:A:23:GLY:CA	0.53	2.34	2	2
1:A:16:TYR:HD1	1:A:17:GLU:N	0.53	2.01	15	1
1:A:27:LYS:CG	1:A:28:ARG:N	0.53	2.71	9	2
1:A:41:LYS:HG3	1:A:46:ALA:CB	0.53	2.33	9	1
1:A:92:VAL:C	1:A:94:ASP:N	0.53	2.61	9	12
1:A:4:GLN:N	1:A:18:PHE:CE2	0.53	2.69	1	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:45:PHE:N	1:A:45:PHE:HD1	0.53	2.00	8	3
1:A:45:PHE:CD1	1:A:47:LYS:HD2	0.53	2.39	7	1
1:A:37:THR:O	1:A:41:LYS:CG	0.53	2.56	13	2
1:A:97:LYS:C	1:A:101:ASP:CG	0.53	2.67	4	1
1:A:63:HIS:O	1:A:63:HIS:HD2	0.53	1.74	3	1
1:A:19:ILE:CD1	1:A:23:GLY:HA2	0.53	2.33	10	1
1:A:27:LYS:HD3	1:A:32:ASP:HB3	0.53	1.81	9	1
1:A:50:ARG:HA	1:A:53:ILE:HG12	0.53	1.80	17	2
1:A:61:GLU:OE1	1:A:82:ILE:CG1	0.53	2.56	16	1
1:A:59:LEU:O	1:A:63:HIS:HE1	0.53	1.83	7	2
1:A:89:LYS:O	1:A:93:TYR:CB	0.53	2.57	5	7
1:A:40:LEU:HG	1:A:44:ASN:ND2	0.53	2.19	19	1
1:A:80:LEU:HD11	1:A:84:LYS:NZ	0.53	2.18	13	1
1:A:9:ARG:NH2	1:A:12:GLY:HA2	0.53	2.16	4	1
1:A:90:PHE:HD1	1:A:90:PHE:N	0.53	1.99	3	1
1:A:44:ASN:HD22	1:A:50:ARG:HD3	0.53	1.55	11	1
1:A:41:LYS:CE	1:A:41:LYS:CA	0.53	2.69	6	1
1:A:18:PHE:HE2	1:A:98:PRO:CD	0.53	2.17	8	1
1:A:44:ASN:HD21	1:A:50:ARG:NH1	0.53	1.99	5	1
1:A:28:ARG:CZ	1:A:77:TRP:CB	0.53	2.86	5	1
1:A:45:PHE:HB3	1:A:47:LYS:HZ1	0.53	1.63	19	1
1:A:72:LYS:CA	1:A:72:LYS:CE	0.53	2.83	19	1
1:A:80:LEU:CD2	1:A:84:LYS:CB	0.53	2.84	19	2
1:A:41:LYS:HA	1:A:50:ARG:HD3	0.53	1.79	7	2
1:A:88:GLU:C	1:A:93:TYR:HB3	0.53	2.24	18	1
1:A:57:GLU:HG3	1:A:86:LEU:CD1	0.53	2.32	6	2
1:A:73:TYR:C	1:A:74:GLN:CD	0.53	2.59	14	1
1:A:41:LYS:CE	1:A:41:LYS:O	0.53	2.55	1	1
1:A:54:LEU:C	1:A:54:LEU:CD1	0.53	2.77	1	2
1:A:66:VAL:CG1	1:A:71:GLY:N	0.53	2.68	5	1
1:A:65:LYS:HD3	1:A:65:LYS:O	0.53	2.04	12	2
1:A:80:LEU:CD2	1:A:84:LYS:HG2	0.53	2.33	19	1
1:A:66:VAL:C	1:A:67:GLN:CD	0.53	2.66	7	2
1:A:96:LEU:CD1	1:A:96:LEU:N	0.53	2.70	7	1
1:A:39:ILE:CG2	1:A:40:LEU:N	0.53	2.72	13	1
1:A:28:ARG:HB2	1:A:33:TRP:HD1	0.53	1.51	3	1
1:A:25:ILE:CD1	1:A:35:ASN:HD21	0.53	2.17	9	1
1:A:6:TYR:HE1	1:A:7:SER:C	0.53	1.98	11	1
1:A:88:GLU:OE1	1:A:100:PHE:CZ	0.53	2.62	11	1
1:A:50:ARG:NE	1:A:50:ARG:N	0.53	2.57	18	1
1:A:31:ASP:C	1:A:33:TRP:HD1	0.53	2.00	12	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:TYR:OH	1:A:15:VAL:HG21	0.53	2.04	17	1
1:A:119:HIS:ND1	1:A:119:HIS:N	0.53	2.54	15	1
1:A:6:TYR:C	1:A:17:GLU:CD	0.53	2.66	9	1
1:A:13:VAL:CG1	1:A:29:LYS:CB	0.53	2.87	11	1
1:A:14:ASP:HB2	1:A:29:LYS:CG	0.53	2.33	16	2
1:A:41:LYS:HE2	1:A:44:ASN:ND2	0.53	2.19	6	1
1:A:41:LYS:HA	1:A:50:ARG:HD2	0.53	1.79	1	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:38:HIS:HB2	0.53	2.39	19	1
1:A:35:ASN:HD21	1:A:38:HIS:CB	0.53	2.16	15	2
1:A:65:LYS:CG	1:A:67:GLN:OE1	0.53	2.56	9	1
1:A:78:VAL:HB	1:A:82:ILE:HD11	0.53	1.80	11	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:99:LEU:CD2	0.53	2.90	6	1
1:A:55:GLU:HG2	1:A:56:LYS:N	0.53	2.19	13	1
1:A:18:PHE:H	1:A:25:ILE:H	0.53	1.47	2	5
1:A:33:TRP:CB	1:A:78:VAL:C	0.53	2.76	11	3
1:A:38:HIS:ND1	1:A:39:ILE:N	0.53	2.57	3	1
1:A:118:HIS:CG	1:A:118:HIS:O	0.53	2.62	9	1
1:A:26:MET:HE1	1:A:71:GLY:N	0.53	2.18	11	1
1:A:18:PHE:HZ	1:A:27:LYS:HD3	0.53	1.61	6	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:86:LEU:CD2	0.53	2.86	6	1
1:A:50:ARG:NH2	1:A:53:ILE:CG1	0.53	2.71	8	1
1:A:58:VAL:HG13	1:A:78:VAL:CG1	0.52	2.33	11	3
1:A:26:MET:CB	1:A:74:GLN:HB3	0.52	2.31	1	3
1:A:72:LYS:HD2	1:A:73:TYR:CA	0.52	2.34	5	3
1:A:41:LYS:CE	1:A:45:PHE:HA	0.52	2.34	7	1
1:A:20:HIS:ND1	1:A:25:ILE:HD12	0.52	2.19	3	2
1:A:95:GLN:HE21	1:A:95:GLN:N	0.52	2.01	15	1
1:A:43:ALA:HB2	1:A:92:VAL:HG13	0.52	1.81	18	1
1:A:8:ALA:C	1:A:15:VAL:HG22	0.52	2.25	17	1
1:A:58:VAL:HG13	1:A:59:LEU:N	0.52	2.17	6	5
1:A:35:ASN:C	1:A:35:ASN:ND2	0.52	2.63	5	1
1:A:72:LYS:CA	1:A:72:LYS:HE3	0.52	2.34	19	1
1:A:45:PHE:CD1	1:A:47:LYS:CE	0.52	2.92	7	1
1:A:13:VAL:HA	1:A:29:LYS:HE2	0.52	1.80	2	1
1:A:9:ARG:HA	1:A:14:ASP:CA	0.52	2.26	6	4
1:A:62:THR:HG1	1:A:79:PRO:HG3	0.52	1.63	15	1
1:A:40:LEU:HD21	1:A:53:ILE:CD1	0.52	2.32	10	1
1:A:16:TYR:CB	1:A:27:LYS:HZ3	0.52	2.17	11	1
1:A:34:VAL:HG23	1:A:78:VAL:O	0.52	2.03	12	2
1:A:16:TYR:OH	1:A:32:ASP:CA	0.52	2.52	16	1
1:A:16:TYR:CE1	1:A:27:LYS:CD	0.52	2.92	4	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:33:TRP:HE3	1:A:79:PRO:CD	0.52	2.17	11	2
1:A:99:LEU:HD22	1:A:100:PHE:N	0.52	2.19	18	1
1:A:20:HIS:HB2	1:A:25:ILE:HD13	0.52	1.80	18	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:95:GLN:C	0.52	2.82	8	1
1:A:64:GLU:OE2	1:A:77:TRP:CZ3	0.52	2.57	16	2
1:A:10:TYR:N	1:A:10:TYR:HD1	0.52	2.00	5	1
1:A:44:ASN:C	1:A:45:PHE:O	0.52	2.46	8	8
1:A:5:ILE:O	1:A:18:PHE:CE1	0.52	2.62	4	1
1:A:5:ILE:HG12	1:A:99:LEU:HA	0.52	1.80	17	2
1:A:34:VAL:HG12	1:A:83:ALA:HB2	0.52	1.80	1	1
1:A:88:GLU:HA	1:A:93:TYR:HB3	0.52	1.80	1	1
1:A:80:LEU:CD2	1:A:80:LEU:O	0.52	2.50	19	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:25:ILE:HD13	0.52	2.39	13	1
1:A:47:LYS:HZ2	1:A:47:LYS:HB3	0.52	1.65	2	1
1:A:93:TYR:C	1:A:96:LEU:CD1	0.52	2.78	10	1
1:A:6:TYR:CG	1:A:17:GLU:HB2	0.52	2.39	11	1
1:A:5:ILE:CA	1:A:18:PHE:HD1	0.52	2.18	11	1
1:A:22:THR:CB	1:A:41:LYS:CD	0.52	2.87	16	1
1:A:44:ASN:OD1	1:A:50:ARG:HG3	0.52	2.04	14	1
1:A:41:LYS:HG3	1:A:50:ARG:CG	0.52	2.35	19	1
1:A:82:ILE:O	1:A:82:ILE:HD12	0.52	2.05	19	1
1:A:89:LYS:NZ	1:A:89:LYS:HB2	0.52	2.19	3	1
1:A:9:ARG:NH1	1:A:12:GLY:HA2	0.52	2.19	10	1
1:A:35:ASN:HB3	1:A:74:GLN:CB	0.52	2.35	9	1
1:A:8:ALA:O	1:A:15:VAL:CG2	0.52	2.58	6	3
1:A:9:ARG:CZ	1:A:9:ARG:HB3	0.52	2.35	5	1
1:A:72:LYS:CE	1:A:72:LYS:N	0.52	2.69	19	2
1:A:80:LEU:HD12	1:A:84:LYS:HD3	0.52	1.81	7	1
1:A:99:LEU:O	1:A:99:LEU:HD13	0.52	2.04	2	2
1:A:41:LYS:HZ1	1:A:50:ARG:HG3	0.52	1.50	17	1
1:A:35:ASN:O	1:A:36:ALA:C	0.52	2.46	4	14
1:A:5:ILE:HA	1:A:18:PHE:CG	0.52	2.35	4	2
1:A:49:LYS:CE	1:A:49:LYS:HA	0.52	2.35	9	1
1:A:54:LEU:C	1:A:58:VAL:CG1	0.52	2.66	9	2
1:A:95:GLN:CB	1:A:96:LEU:HD23	0.52	2.35	6	2
1:A:25:ILE:CD1	1:A:38:HIS:CE1	0.52	2.85	17	1
1:A:15:VAL:HG21	1:A:26:MET:HB3	0.52	1.82	16	1
1:A:65:LYS:HB2	1:A:67:GLN:HE21	0.52	1.65	19	1
1:A:99:LEU:CD1	1:A:100:PHE:N	0.52	2.70	19	1
1:A:35:ASN:CG	1:A:37:THR:HB	0.52	2.25	10	6
1:A:80:LEU:HD12	1:A:84:LYS:CD	0.52	2.35	7	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:ILE:CB	1:A:18:PHE:HE1	0.52	2.18	2	1
1:A:30:LYS:HA	1:A:30:LYS:HE3	0.52	1.81	3	1
1:A:15:VAL:HG23	1:A:26:MET:HG3	0.52	1.81	9	1
1:A:20:HIS:HE1	1:A:95:GLN:CD	0.52	2.08	11	1
1:A:18:PHE:CD2	1:A:25:ILE:CG2	0.52	2.93	18	1
1:A:28:ARG:HH12	1:A:64:GLU:CG	0.52	2.17	1	1
1:A:87:ALA:C	1:A:91:SER:HB3	0.52	2.25	3	2
1:A:8:ALA:N	1:A:17:GLU:OE1	0.52	2.42	9	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:99:LEU:HD22	0.52	2.40	9	1
1:A:41:LYS:HE2	1:A:44:ASN:HD21	0.52	1.61	6	1
1:A:70:PHE:CD1	1:A:70:PHE:N	0.52	2.78	17	1
1:A:88:GLU:CB	1:A:100:PHE:HE2	0.51	2.08	5	2
1:A:20:HIS:HB2	1:A:25:ILE:CG1	0.51	2.35	13	4
1:A:55:GLU:HA	1:A:63:HIS:CD2	0.51	2.40	4	1
1:A:38:HIS:ND1	1:A:38:HIS:C	0.51	2.60	3	1
1:A:20:HIS:HE1	1:A:95:GLN:O	0.51	1.85	9	1
1:A:51:THR:HG22	1:A:52:ARG:HD2	0.51	1.82	18	1
1:A:14:ASP:CB	1:A:29:LYS:CG	0.51	2.85	8	2
1:A:40:LEU:HA	1:A:44:ASN:HD21	0.51	1.65	8	1
1:A:5:ILE:CG1	1:A:99:LEU:HD22	0.51	2.32	12	1
1:A:32:ASP:O	1:A:80:LEU:HD22	0.51	2.05	12	2
1:A:96:LEU:CB	1:A:100:PHE:CE1	0.51	2.94	3	2
1:A:73:TYR:N	1:A:74:GLN:NE2	0.51	2.57	18	2
1:A:84:LYS:NZ	1:A:100:PHE:HA	0.51	2.20	5	1
1:A:40:LEU:C	1:A:44:ASN:CG	0.51	2.62	19	2
1:A:53:ILE:HA	1:A:57:GLU:OE1	0.51	2.02	7	1
1:A:63:HIS:O	1:A:64:GLU:OE2	0.51	2.28	4	1
1:A:96:LEU:HD13	1:A:99:LEU:HB3	0.51	1.80	16	1
1:A:50:ARG:NH2	1:A:53:ILE:HG21	0.51	2.19	8	1
1:A:49:LYS:O	1:A:53:ILE:HB	0.51	2.04	7	1
1:A:40:LEU:HD11	1:A:57:GLU:CD	0.51	2.23	18	1
1:A:40:LEU:HD21	1:A:57:GLU:OE1	0.51	2.05	18	1
1:A:21:SER:HB3	1:A:42:ALA:CB	0.51	2.35	8	2
1:A:10:TYR:C	1:A:10:TYR:CD1	0.51	2.83	6	1
1:A:22:THR:OG1	1:A:41:LYS:HD3	0.51	2.06	12	1
1:A:5:ILE:HG12	1:A:99:LEU:HD12	0.51	1.82	14	1
1:A:66:VAL:O	1:A:66:VAL:CG2	0.51	2.58	14	1
1:A:35:ASN:C	1:A:37:THR:N	0.51	2.62	10	10
1:A:33:TRP:HD1	1:A:33:TRP:H	0.51	1.47	1	3
1:A:65:LYS:HZ2	1:A:67:GLN:CG	0.51	2.19	7	1
1:A:59:LEU:HD13	1:A:60:LYS:CA	0.51	2.36	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:LEU:HD23	1:A:50:ARG:HH11	0.51	1.66	10	1
1:A:61:GLU:N	1:A:61:GLU:OE1	0.51	2.44	18	1
1:A:82:ILE:CA	1:A:85:GLN:CD	0.51	2.69	18	1
1:A:34:VAL:HG11	1:A:39:ILE:HD12	0.51	1.74	5	1
1:A:66:VAL:HG21	1:A:77:TRP:NE1	0.51	2.18	5	1
1:A:15:VAL:HG11	1:A:77:TRP:HZ3	0.51	1.66	19	1
1:A:40:LEU:CG	1:A:44:ASN:HD21	0.51	2.18	19	1
1:A:96:LEU:HD12	1:A:100:PHE:HE2	0.51	1.58	19	1
1:A:73:TYR:N	1:A:73:TYR:CD1	0.51	2.79	15	2
1:A:61:GLU:OE1	1:A:78:VAL:CG1	0.51	2.59	11	1
1:A:10:TYR:CE2	1:A:71:GLY:N	0.51	2.79	6	1
1:A:46:ALA:CA	1:A:50:ARG:HD2	0.51	2.36	16	1
1:A:123:VAL:HG13	1:A:123:VAL:O	0.51	2.05	16	1
1:A:41:LYS:N	1:A:44:ASN:HD22	0.51	2.03	12	1
1:A:58:VAL:HA	1:A:61:GLU:HB2	0.51	1.82	11	2
1:A:98:PRO:O	1:A:101:ASP:N	0.51	2.44	4	4
1:A:36:ALA:HB3	1:A:58:VAL:HG21	0.51	1.79	4	1
1:A:92:VAL:CA	1:A:96:LEU:CD1	0.51	2.87	9	2
1:A:40:LEU:HB2	1:A:54:LEU:HD21	0.51	1.83	11	1
1:A:79:PRO:CG	1:A:82:ILE:HG13	0.51	2.32	11	1
1:A:27:LYS:NZ	1:A:80:LEU:HB3	0.51	2.20	14	1
1:A:99:LEU:HG	1:A:100:PHE:N	0.51	2.19	6	2
1:A:89:LYS:HE3	1:A:90:PHE:CD2	0.51	2.41	4	1
1:A:56:LYS:HD3	1:A:60:LYS:HE3	0.51	1.79	6	1
1:A:39:ILE:O	1:A:91:SER:HB3	0.51	2.05	16	2
1:A:26:MET:N	1:A:74:GLN:HB3	0.51	2.21	16	1
1:A:4:GLN:O	1:A:18:PHE:CE2	0.51	2.63	1	1
1:A:49:LYS:C	1:A:53:ILE:HG13	0.51	2.24	5	1
1:A:6:TYR:CE2	1:A:17:GLU:C	0.51	2.84	7	1
1:A:13:VAL:HG11	1:A:30:LYS:CG	0.51	2.27	9	3
1:A:33:TRP:HE3	1:A:79:PRO:HD3	0.51	1.65	11	2
1:A:28:ARG:HD3	1:A:77:TRP:CD2	0.51	2.40	15	1
1:A:61:GLU:OE2	1:A:82:ILE:CG1	0.51	2.58	15	1
1:A:54:LEU:CG	1:A:58:VAL:HG21	0.51	2.35	10	1
1:A:35:ASN:CA	1:A:77:TRP:CA	0.51	2.74	17	1
1:A:15:VAL:HG12	1:A:28:ARG:N	0.51	2.20	14	1
1:A:66:VAL:HG12	1:A:74:GLN:HE22	0.51	1.63	1	1
1:A:44:ASN:C	1:A:50:ARG:HD3	0.51	2.25	18	1
1:A:117:HIS:HD2	1:A:117:HIS:N	0.51	2.02	16	1
1:A:34:VAL:CG1	1:A:38:HIS:HD1	0.51	2.18	19	1
1:A:17:GLU:CA	1:A:26:MET:SD	0.51	2.99	8	2

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:63:HIS:NE2	1:A:76:THR:HG21	0.51	2.20	4	1
1:A:60:LYS:HG3	1:A:61:GLU:N	0.51	2.20	9	1
1:A:64:GLU:OE1	1:A:65:LYS:HE3	0.51	2.07	18	1
1:A:55:GLU:OE2	1:A:56:LYS:HD3	0.51	2.06	6	1
1:A:14:ASP:HB3	1:A:29:LYS:CE	0.51	2.34	8	1
1:A:22:THR:HG22	1:A:22:THR:O	0.51	2.05	12	1
1:A:35:ASN:HD22	1:A:35:ASN:C	0.50	2.10	14	2
1:A:82:ILE:CG2	1:A:83:ALA:N	0.50	2.73	18	4
1:A:84:LYS:HG3	1:A:100:PHE:CZ	0.50	2.41	7	2
1:A:38:HIS:CE1	1:A:99:LEU:HD23	0.50	2.35	13	1
1:A:14:ASP:N	1:A:29:LYS:HB2	0.50	2.22	11	1
1:A:4:GLN:C	1:A:18:PHE:CD1	0.50	2.84	11	1
1:A:60:LYS:NZ	1:A:60:LYS:O	0.50	2.44	7	1
1:A:10:TYR:HD2	1:A:26:MET:CE	0.50	2.19	13	1
1:A:29:LYS:CA	1:A:29:LYS:NZ	0.50	2.73	15	1
1:A:96:LEU:HB2	1:A:100:PHE:HD1	0.50	1.64	10	1
1:A:64:GLU:N	1:A:77:TRP:O	0.50	2.44	9	1
1:A:38:HIS:HD2	1:A:96:LEU:CD2	0.50	2.13	9	1
1:A:6:TYR:CD1	1:A:7:SER:C	0.50	2.85	11	1
1:A:78:VAL:HG23	1:A:83:ALA:CB	0.50	2.36	8	1
1:A:5:ILE:HD11	1:A:98:PRO:O	0.50	2.06	15	2
1:A:66:VAL:O	1:A:66:VAL:HG23	0.50	2.07	7	2
1:A:50:ARG:CB	1:A:54:LEU:HD22	0.50	2.37	5	1
1:A:34:VAL:CG1	1:A:38:HIS:ND1	0.50	2.74	19	1
1:A:8:ALA:O	1:A:15:VAL:HG23	0.50	2.06	19	1
1:A:37:THR:N	1:A:54:LEU:HD21	0.50	2.22	4	1
1:A:18:PHE:C	1:A:25:ILE:H	0.50	2.00	3	1
1:A:20:HIS:HE1	1:A:95:GLN:HB2	0.50	1.65	10	1
1:A:28:ARG:CG	1:A:33:TRP:CD1	0.50	2.94	11	1
1:A:4:GLN:O	1:A:18:PHE:HD1	0.50	1.89	11	1
1:A:57:GLU:OE1	1:A:58:VAL:HG22	0.50	2.06	11	1
1:A:80:LEU:H	1:A:80:LEU:HD23	0.50	1.66	14	1
1:A:16:TYR:C	1:A:26:MET:HA	0.50	2.24	19	1
1:A:16:TYR:HB3	1:A:18:PHE:HZ	0.50	1.59	2	2
1:A:5:ILE:O	1:A:18:PHE:HE1	0.50	1.88	4	1
1:A:74:GLN:CG	1:A:77:TRP:CD2	0.50	2.94	15	1
1:A:58:VAL:HG12	1:A:63:HIS:CA	0.50	2.37	12	2
1:A:10:TYR:OH	1:A:26:MET:HG2	0.50	2.06	6	1
1:A:9:ARG:HD3	1:A:13:VAL:O	0.50	2.07	17	1
1:A:27:LYS:NZ	1:A:32:ASP:C	0.50	2.64	14	1
1:A:35:ASN:OD1	1:A:37:THR:CA	0.50	2.59	7	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:VAL:HG11	1:A:39:ILE:HD13	0.50	1.83	2	2
1:A:43:ALA:CB	1:A:91:SER:O	0.50	2.60	10	1
1:A:81:ASN:OD1	1:A:82:ILE:HG13	0.50	2.07	6	1
1:A:93:TYR:CZ	1:A:94:ASP:OD1	0.50	2.65	17	1
1:A:38:HIS:HD2	1:A:92:VAL:HG11	0.50	1.53	14	1
1:A:26:MET:C	1:A:27:LYS:NZ	0.50	2.65	1	1
1:A:9:ARG:HH21	1:A:14:ASP:HB2	0.50	1.67	5	1
1:A:41:LYS:HG3	1:A:42:ALA:N	0.50	2.17	16	2
1:A:74:GLN:HB3	1:A:77:TRP:HB3	0.50	1.83	9	1
1:A:27:LYS:NZ	1:A:80:LEU:CB	0.50	2.62	18	1
1:A:18:PHE:HZ	1:A:27:LYS:HG3	0.50	1.67	12	1
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:HE2	0.50	1.80	1	1
1:A:120:ALA:HB1	1:A:122:LYS:CE	0.50	2.36	5	1
1:A:20:HIS:HB3	1:A:25:ILE:CG1	0.50	2.36	19	1
1:A:20:HIS:HE1	1:A:99:LEU:HB2	0.50	1.63	3	1
1:A:53:ILE:C	1:A:53:ILE:HD12	0.50	2.27	10	1
1:A:116:LYS:C	1:A:116:LYS:HD2	0.50	2.22	9	1
1:A:56:LYS:HG2	1:A:56:LYS:O	0.50	2.05	16	1
1:A:66:VAL:HG12	1:A:75:GLY:C	0.50	2.27	16	1
1:A:58:VAL:HG23	1:A:78:VAL:HG11	0.50	1.84	2	1
1:A:4:GLN:C	1:A:5:ILE:HD12	0.50	2.27	18	1
1:A:95:GLN:CB	1:A:96:LEU:CD2	0.50	2.90	6	1
1:A:27:LYS:NZ	1:A:34:VAL:HG23	0.50	2.16	16	1
1:A:14:ASP:C	1:A:15:VAL:CG1	0.50	2.79	12	1
1:A:84:LYS:HG2	1:A:100:PHE:CZ	0.50	2.41	5	1
1:A:84:LYS:CE	1:A:100:PHE:CE1	0.50	2.95	7	2
1:A:22:THR:CB	1:A:41:LYS:CE	0.50	2.84	2	1
1:A:38:HIS:HD2	1:A:39:ILE:CA	0.50	2.19	4	1
1:A:51:THR:HG22	1:A:52:ARG:HH21	0.50	1.66	4	1
1:A:73:TYR:CA	1:A:74:GLN:NE2	0.50	2.75	17	1
1:A:65:LYS:HG3	1:A:67:GLN:HE21	0.50	1.65	16	1
1:A:16:TYR:HD1	1:A:27:LYS:HB2	0.49	1.67	1	1
1:A:18:PHE:C	1:A:25:ILE:HD12	0.49	2.18	1	1
1:A:17:GLU:OE1	1:A:26:MET:SD	0.49	2.69	7	1
1:A:28:ARG:CD	1:A:30:LYS:HE3	0.49	2.34	7	1
1:A:59:LEU:HD22	1:A:59:LEU:C	0.49	2.26	4	1
1:A:27:LYS:HD2	1:A:27:LYS:N	0.49	2.21	16	1
1:A:21:SER:C	1:A:41:LYS:HZ2	0.49	2.06	1	1
1:A:87:ALA:CA	1:A:91:SER:HG	0.49	2.13	17	4
1:A:89:LYS:CG	1:A:90:PHE:CE1	0.49	2.95	2	1
1:A:88:GLU:HG2	1:A:89:LYS:N	0.49	2.20	2	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:40:LEU:C	1:A:41:LYS:HE2	0.49	2.25	6	1
1:A:5:ILE:HG13	1:A:18:PHE:CB	0.49	2.36	12	1
1:A:6:TYR:C	1:A:17:GLU:H	0.49	2.05	14	1
1:A:20:HIS:CG	1:A:25:ILE:HD13	0.49	2.40	1	1
1:A:27:LYS:HB2	1:A:27:LYS:NZ	0.49	2.04	1	1
1:A:33:TRP:CH2	1:A:62:THR:HG22	0.49	2.43	1	1
1:A:48:ALA:HA	1:A:51:THR:OG1	0.49	2.07	5	1
1:A:9:ARG:HH21	1:A:14:ASP:N	0.49	2.05	7	1
1:A:40:LEU:C	1:A:50:ARG:NH2	0.49	2.65	4	1
1:A:92:VAL:HG21	1:A:96:LEU:HD21	0.49	1.79	4	1
1:A:34:VAL:CG2	1:A:83:ALA:CB	0.49	2.91	17	1
1:A:38:HIS:NE2	1:A:99:LEU:HD12	0.49	2.23	16	1
1:A:15:VAL:HG23	1:A:27:LYS:C	0.49	2.28	8	1
1:A:32:ASP:C	1:A:33:TRP:HD1	0.49	2.08	12	1
1:A:27:LYS:HZ1	1:A:32:ASP:C	0.49	1.98	14	1
1:A:79:PRO:CG	1:A:82:ILE:HG23	0.49	2.38	14	2
1:A:44:ASN:HD21	1:A:50:ARG:HD2	0.49	1.66	1	2
1:A:80:LEU:HD21	1:A:84:LYS:HG2	0.49	1.84	19	1
1:A:22:THR:CG2	1:A:25:ILE:CD1	0.49	2.88	7	1
1:A:28:ARG:HH11	1:A:28:ARG:HG3	0.49	1.67	7	1
1:A:22:THR:HB	1:A:41:LYS:CE	0.49	2.34	2	1
1:A:19:ILE:HD12	1:A:23:GLY:C	0.49	2.28	15	2
1:A:57:GLU:CG	1:A:86:LEU:HD23	0.49	2.37	15	1
1:A:35:ASN:ND2	1:A:38:HIS:CB	0.49	2.70	9	2
1:A:40:LEU:HD11	1:A:57:GLU:HG3	0.49	1.84	9	1
1:A:15:VAL:HG12	1:A:16:TYR:H	0.49	1.66	11	1
1:A:73:TYR:C	1:A:74:GLN:HE21	0.49	2.10	17	1
1:A:30:LYS:HZ3	1:A:30:LYS:HB3	0.49	1.67	14	1
1:A:4:GLN:HB2	1:A:18:PHE:CE1	0.49	2.43	1	1
1:A:66:VAL:HG13	1:A:74:GLN:NE2	0.49	2.10	1	1
1:A:31:ASP:CA	1:A:33:TRP:CE2	0.49	2.95	5	2
1:A:20:HIS:HD2	1:A:38:HIS:ND1	0.49	2.06	13	2
1:A:52:ARG:HH11	1:A:52:ARG:HG3	0.49	1.65	2	1
1:A:91:SER:HG	1:A:92:VAL:HG22	0.49	1.67	10	1
1:A:55:GLU:HG3	1:A:59:LEU:HD12	0.49	1.84	9	1
1:A:82:ILE:HG13	1:A:85:GLN:HE22	0.49	1.67	9	1
1:A:25:ILE:HG21	1:A:38:HIS:CG	0.49	2.42	16	1
1:A:18:PHE:HE2	1:A:99:LEU:H	0.49	1.49	16	1
1:A:24:SER:O	1:A:73:TYR:HB3	0.49	2.08	14	1
1:A:7:SER:HA	1:A:16:TYR:CB	0.49	2.37	13	2
1:A:35:ASN:HB2	1:A:74:GLN:C	0.49	2.28	13	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:98:PRO:HA	1:A:101:ASP:CB	0.49	2.37	4	1
1:A:63:HIS:CE1	1:A:76:THR:HG22	0.49	2.43	4	1
1:A:4:GLN:CB	1:A:19:ILE:HB	0.49	2.38	9	1
1:A:35:ASN:HB3	1:A:74:GLN:HB3	0.49	1.83	9	1
1:A:50:ARG:HH21	1:A:53:ILE:CB	0.49	2.20	18	1
1:A:84:LYS:HE2	1:A:88:GLU:OE1	0.49	2.08	8	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:99:LEU:HD21	0.49	2.42	12	1
1:A:19:ILE:O	1:A:20:HIS:ND1	0.49	2.45	1	1
1:A:9:ARG:HG3	1:A:14:ASP:HB3	0.49	1.85	2	1
1:A:116:LYS:HG3	1:A:117:HIS:N	0.49	2.22	6	1
1:A:5:ILE:HG12	1:A:99:LEU:CB	0.49	2.37	17	1
1:A:84:LYS:HE2	1:A:99:LEU:HD22	0.49	1.83	5	1
1:A:20:HIS:HD2	1:A:38:HIS:HB2	0.49	1.67	19	1
1:A:13:VAL:HG12	1:A:29:LYS:HZ2	0.49	1.68	7	1
1:A:51:THR:CG2	1:A:52:ARG:N	0.49	2.76	7	1
1:A:16:TYR:O	1:A:27:LYS:N	0.49	2.45	16	2
1:A:28:ARG:NH1	1:A:64:GLU:OE1	0.49	2.38	15	1
1:A:50:ARG:HA	1:A:53:ILE:CG2	0.49	2.37	6	1
1:A:28:ARG:NE	1:A:33:TRP:CZ3	0.49	2.80	17	1
1:A:54:LEU:HD12	1:A:58:VAL:HB	0.49	1.85	1	1
1:A:24:SER:OG	1:A:73:TYR:CG	0.49	2.66	5	1
1:A:39:ILE:CD1	1:A:83:ALA:HB1	0.49	2.38	19	1
1:A:63:HIS:CD2	1:A:63:HIS:N	0.49	2.81	13	1
1:A:123:VAL:O	1:A:123:VAL:HG13	0.49	2.07	2	1
1:A:116:LYS:CB	1:A:116:LYS:NZ	0.49	2.74	3	1
1:A:4:GLN:HB3	1:A:19:ILE:HB	0.49	1.85	9	1
1:A:72:LYS:NZ	1:A:73:TYR:CD2	0.49	2.78	19	2
1:A:94:ASP:CA	1:A:97:LYS:HE3	0.49	2.37	7	1
1:A:31:ASP:OD1	1:A:33:TRP:CE2	0.49	2.58	4	1
1:A:43:ALA:HB2	1:A:91:SER:O	0.49	2.07	10	1
1:A:50:ARG:HH21	1:A:53:ILE:HB	0.49	1.68	18	1
1:A:96:LEU:CB	1:A:100:PHE:CD2	0.49	2.83	6	1
1:A:60:LYS:CE	1:A:60:LYS:HA	0.49	2.38	12	1
1:A:96:LEU:HB2	1:A:100:PHE:CE1	0.48	2.42	14	1
1:A:119:HIS:C	1:A:120:ALA:O	0.48	2.52	8	3
1:A:84:LYS:HE2	1:A:100:PHE:CE1	0.48	2.42	5	1
1:A:22:THR:OG1	1:A:37:THR:HG21	0.48	2.05	6	3
1:A:22:THR:CG2	1:A:25:ILE:HD11	0.48	2.24	7	1
1:A:34:VAL:HG22	1:A:39:ILE:CD1	0.48	2.38	7	2
1:A:89:LYS:CE	1:A:90:PHE:CD2	0.48	2.96	4	1
1:A:34:VAL:N	1:A:78:VAL:N	0.48	2.61	3	6

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:41:LYS:HD3	1:A:44:ASN:OD1	0.48	2.08	15	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:50:ARG:NE	0.48	2.60	17	1
1:A:17:GLU:HB3	1:A:26:MET:CE	0.48	2.37	8	2
1:A:47:LYS:HZ3	1:A:47:LYS:CB	0.48	2.06	16	1
1:A:16:TYR:HD2	1:A:27:LYS:HE3	0.48	1.67	12	1
1:A:27:LYS:HD3	1:A:34:VAL:HG22	0.48	1.85	12	1
1:A:35:ASN:HD21	1:A:37:THR:CB	0.48	2.21	13	4
1:A:61:GLU:OE2	1:A:78:VAL:CB	0.48	2.61	1	1
1:A:116:LYS:HE3	1:A:119:HIS:ND1	0.48	2.23	13	1
1:A:89:LYS:HG3	1:A:90:PHE:CE1	0.48	2.43	2	1
1:A:9:ARG:HD2	1:A:14:ASP:HB2	0.48	1.85	4	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:99:LEU:CD1	0.48	2.97	3	1
1:A:72:LYS:HB3	1:A:72:LYS:NZ	0.48	2.23	15	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:54:LEU:HD22	0.48	2.34	18	1
1:A:44:ASN:HD22	1:A:45:PHE:N	0.48	2.06	18	1
1:A:31:ASP:CB	1:A:33:TRP:CE3	0.48	2.88	16	1
1:A:57:GLU:HG2	1:A:86:LEU:HD11	0.48	1.85	16	1
1:A:117:HIS:ND1	1:A:117:HIS:N	0.48	2.61	1	1
1:A:84:LYS:HG3	1:A:100:PHE:CE1	0.48	2.44	7	2
1:A:52:ARG:C	1:A:56:LYS:HD2	0.48	2.28	4	1
1:A:19:ILE:HD12	1:A:24:SER:N	0.48	2.23	9	2
1:A:10:TYR:C	1:A:10:TYR:HD1	0.48	2.11	6	1
1:A:35:ASN:ND2	1:A:37:THR:CB	0.48	2.76	5	4
1:A:64:GLU:HB2	1:A:77:TRP:CH2	0.48	2.14	13	1
1:A:80:LEU:HD11	1:A:84:LYS:HZ1	0.48	1.66	13	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:99:LEU:HB3	0.48	2.44	3	1
1:A:26:MET:CB	1:A:74:GLN:HG3	0.48	2.19	18	2
1:A:21:SER:HG	1:A:38:HIS:HA	0.48	1.69	6	1
1:A:26:MET:CG	1:A:74:GLN:CD	0.48	2.81	19	1
1:A:66:VAL:C	1:A:67:GLN:HE21	0.48	2.11	13	2
1:A:63:HIS:HD1	1:A:63:HIS:C	0.48	2.08	4	1
1:A:66:VAL:HB	1:A:72:LYS:N	0.48	2.23	11	3
1:A:66:VAL:HG23	1:A:75:GLY:HA2	0.48	1.84	10	1
1:A:38:HIS:HA	1:A:42:ALA:HB2	0.48	1.86	17	1
1:A:18:PHE:HZ	1:A:27:LYS:HG2	0.48	1.69	19	1
1:A:34:VAL:CG2	1:A:80:LEU:HA	0.48	2.38	12	3
1:A:80:LEU:HG	1:A:84:LYS:HD2	0.48	1.84	13	1
1:A:62:THR:O	1:A:64:GLU:OE2	0.48	2.31	2	1
1:A:16:TYR:O	1:A:16:TYR:CG	0.48	2.65	3	2
1:A:72:LYS:HE2	1:A:73:TYR:CE2	0.48	2.42	3	1
1:A:92:VAL:HG11	1:A:96:LEU:HD23	0.48	1.79	9	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:41:LYS:HG3	1:A:41:LYS:O	0.48	2.07	11	2
1:A:27:LYS:HE3	1:A:34:VAL:HB	0.48	1.85	18	1
1:A:26:MET:HB3	1:A:74:GLN:HE22	0.48	1.58	16	1
1:A:84:LYS:HG3	1:A:85:GLN:N	0.48	2.22	11	3
1:A:70:PHE:HD1	1:A:70:PHE:O	0.48	1.76	2	1
1:A:122:LYS:C	1:A:122:LYS:CE	0.48	2.75	6	1
1:A:96:LEU:O	1:A:100:PHE:CB	0.48	2.62	8	1
1:A:27:LYS:HE2	1:A:33:TRP:C	0.48	2.29	14	1
1:A:58:VAL:CG1	1:A:78:VAL:CG1	0.48	2.91	14	1
1:A:21:SER:CB	1:A:42:ALA:HB1	0.48	2.33	1	1
1:A:45:PHE:HB3	1:A:47:LYS:NZ	0.48	2.23	19	1
1:A:40:LEU:HB3	1:A:53:ILE:HG23	0.48	1.85	7	1
1:A:89:LYS:CB	1:A:89:LYS:NZ	0.48	2.73	3	2
1:A:16:TYR:HB3	1:A:27:LYS:HD2	0.48	1.86	3	1
1:A:38:HIS:HD2	1:A:39:ILE:CG1	0.48	2.21	10	1
1:A:28:ARG:CD	1:A:77:TRP:HH2	0.48	2.18	9	1
1:A:44:ASN:ND2	1:A:44:ASN:C	0.48	2.66	11	1
1:A:58:VAL:HG13	1:A:78:VAL:HG13	0.48	1.82	11	1
1:A:41:LYS:HG2	1:A:46:ALA:N	0.48	2.24	18	1
1:A:16:TYR:CE1	1:A:27:LYS:HD3	0.48	2.43	17	1
1:A:93:TYR:CA	1:A:100:PHE:CE2	0.48	2.90	8	1
1:A:84:LYS:CE	1:A:99:LEU:HD22	0.48	2.39	5	1
1:A:47:LYS:H	1:A:50:ARG:HB3	0.48	1.68	15	2
1:A:30:LYS:HB3	1:A:31:ASP:OD1	0.48	2.09	18	1
1:A:19:ILE:HD13	1:A:24:SER:CA	0.48	2.39	16	1
1:A:27:LYS:HZ3	1:A:117:HIS:HE1	0.48	1.41	12	1
1:A:32:ASP:N	1:A:33:TRP:CD1	0.48	2.81	12	1
1:A:98:PRO:O	1:A:99:LEU:C	0.48	2.52	4	4
1:A:20:HIS:NE2	1:A:38:HIS:HD2	0.48	2.06	19	1
1:A:58:VAL:C	1:A:63:HIS:ND1	0.48	2.56	7	1
1:A:70:PHE:N	1:A:70:PHE:HD1	0.48	1.93	13	1
1:A:74:GLN:NE2	1:A:77:TRP:NE1	0.48	2.62	13	1
1:A:16:TYR:CZ	1:A:18:PHE:HE2	0.48	2.09	3	1
1:A:16:TYR:O	1:A:26:MET:C	0.48	2.51	3	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:53:ILE:HG12	0.48	2.39	6	1
1:A:72:LYS:CE	1:A:73:TYR:HD1	0.48	2.21	6	1
1:A:41:LYS:HD3	1:A:46:ALA:CB	0.48	2.36	17	1
1:A:22:THR:HB	1:A:41:LYS:CD	0.48	2.38	16	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:50:ARG:HH21	0.48	2.21	8	1
1:A:88:GLU:C	1:A:93:TYR:CB	0.47	2.70	14	1
1:A:34:VAL:CG1	1:A:38:HIS:CE1	0.47	2.96	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:ILE:HA	1:A:18:PHE:CB	0.47	2.32	13	1
1:A:58:VAL:HG12	1:A:78:VAL:HG13	0.47	1.84	4	1
1:A:55:GLU:C	1:A:55:GLU:OE1	0.47	2.48	10	1
1:A:87:ALA:C	1:A:91:SER:OG	0.47	2.53	10	1
1:A:48:ALA:C	1:A:49:LYS:HE3	0.47	2.29	9	1
1:A:86:LEU:O	1:A:86:LEU:HD22	0.47	2.09	18	1
1:A:25:ILE:HA	1:A:35:ASN:OD1	0.47	2.09	6	1
1:A:53:ILE:C	1:A:57:GLU:HB2	0.47	2.27	12	1
1:A:39:ILE:CG2	1:A:40:LEU:HD13	0.47	2.17	7	1
1:A:57:GLU:CG	1:A:86:LEU:CD2	0.47	2.91	2	1
1:A:63:HIS:HD2	1:A:76:THR:HG23	0.47	1.67	15	1
1:A:16:TYR:CE1	1:A:29:LYS:CD	0.47	2.97	16	1
1:A:17:GLU:HA	1:A:26:MET:SD	0.47	2.49	8	1
1:A:44:ASN:HB2	1:A:50:ARG:CD	0.47	2.38	8	1
1:A:50:ARG:HH22	1:A:53:ILE:CG2	0.47	2.20	8	1
1:A:7:SER:O	1:A:17:GLU:OE1	0.47	2.31	9	2
1:A:99:LEU:CG	1:A:100:PHE:N	0.47	2.77	19	2
1:A:36:ALA:HB3	1:A:54:LEU:HD23	0.47	1.87	4	1
1:A:6:TYR:N	1:A:6:TYR:HD1	0.47	2.05	4	1
1:A:123:VAL:O	1:A:123:VAL:CG1	0.47	2.62	10	1
1:A:22:THR:CB	1:A:41:LYS:HD2	0.47	2.39	16	1
1:A:35:ASN:OD1	1:A:74:GLN:HG3	0.47	2.09	11	1
1:A:82:ILE:HG22	1:A:83:ALA:N	0.47	2.25	18	1
1:A:50:ARG:NH1	1:A:51:THR:HA	0.47	2.24	17	1
1:A:40:LEU:CD2	1:A:44:ASN:HD22	0.47	2.18	14	1
1:A:119:HIS:O	1:A:119:HIS:HD2	0.47	1.89	1	1
1:A:57:GLU:OE2	1:A:78:VAL:HG11	0.47	2.10	5	1
1:A:49:LYS:CD	1:A:53:ILE:HD12	0.47	2.38	7	1
1:A:14:ASP:CB	1:A:29:LYS:CB	0.47	2.82	17	2
1:A:60:LYS:HB2	1:A:60:LYS:HZ3	0.47	1.70	10	1
1:A:33:TRP:CE3	1:A:64:GLU:CD	0.47	2.84	9	1
1:A:28:ARG:HD2	1:A:30:LYS:HG2	0.47	1.85	11	1
1:A:5:ILE:N	1:A:5:ILE:CD1	0.47	2.76	18	1
1:A:34:VAL:CG2	1:A:83:ALA:HB3	0.47	2.40	17	1
1:A:93:TYR:O	1:A:97:LYS:HD3	0.47	2.09	17	1
1:A:28:ARG:O	1:A:33:TRP:CD1	0.47	2.68	16	1
1:A:15:VAL:HG21	1:A:74:GLN:OE1	0.47	2.10	16	1
1:A:95:GLN:N	1:A:95:GLN:HE21	0.47	2.08	16	1
1:A:62:THR:HG23	1:A:64:GLU:OE2	0.47	2.09	7	1
1:A:62:THR:O	1:A:79:PRO:HD2	0.47	2.09	9	1
1:A:82:ILE:HG12	1:A:85:GLN:NE2	0.47	2.25	18	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:VAL:HG13	1:A:83:ALA:HB2	0.47	1.80	6	1
1:A:41:LYS:HZ2	1:A:50:ARG:CA	0.47	2.20	6	1
1:A:5:ILE:CG1	1:A:18:PHE:HB3	0.47	2.39	6	2
1:A:19:ILE:HD13	1:A:24:SER:CB	0.47	2.37	16	1
1:A:116:LYS:C	1:A:117:HIS:CD2	0.47	2.88	16	1
1:A:18:PHE:CD1	1:A:20:HIS:CG	0.47	2.95	8	1
1:A:73:TYR:N	1:A:74:GLN:HE22	0.47	2.08	14	1
1:A:46:ALA:CA	1:A:50:ARG:HG2	0.47	2.35	18	3
1:A:37:THR:CG2	1:A:41:LYS:HG3	0.47	2.40	1	1
1:A:61:GLU:CD	1:A:82:ILE:HD11	0.47	2.26	1	1
1:A:8:ALA:CB	1:A:10:TYR:OH	0.47	2.56	5	1
1:A:84:LYS:CE	1:A:99:LEU:CD2	0.47	2.92	5	1
1:A:9:ARG:HG2	1:A:14:ASP:HB2	0.47	1.85	19	1
1:A:9:ARG:C	1:A:10:TYR:CG	0.47	2.88	19	5
1:A:41:LYS:CE	1:A:54:LEU:CD2	0.47	2.84	15	2
1:A:30:LYS:HG3	1:A:31:ASP:H	0.47	1.69	7	1
1:A:47:LYS:H	1:A:50:ARG:HB2	0.47	1.69	8	3
1:A:60:LYS:HG3	1:A:61:GLU:CD	0.47	2.29	2	1
1:A:16:TYR:OH	1:A:34:VAL:HG12	0.47	2.10	15	1
1:A:86:LEU:HD13	1:A:86:LEU:C	0.47	2.30	18	1
1:A:123:VAL:O	1:A:123:VAL:HG22	0.47	2.08	18	1
1:A:39:ILE:CB	1:A:87:ALA:CB	0.47	2.89	6	1
1:A:73:TYR:C	1:A:74:GLN:NE2	0.47	2.67	17	1
1:A:86:LEU:O	1:A:89:LYS:CG	0.47	2.55	17	1
1:A:11:SER:N	1:A:70:PHE:CE1	0.47	2.74	1	1
1:A:57:GLU:O	1:A:60:LYS:HG2	0.47	2.10	2	1
1:A:89:LYS:HE3	1:A:90:PHE:CE2	0.47	2.45	4	1
1:A:4:GLN:HB3	1:A:6:TYR:CE1	0.47	2.42	10	1
1:A:6:TYR:O	1:A:17:GLU:CA	0.47	2.60	9	1
1:A:28:ARG:CD	1:A:30:LYS:CG	0.47	2.93	11	1
1:A:44:ASN:CG	1:A:45:PHE:N	0.47	2.68	17	1
1:A:21:SER:HB2	1:A:95:GLN:NE2	0.47	2.24	8	1
1:A:79:PRO:CB	1:A:82:ILE:CG2	0.47	2.88	14	2
1:A:28:ARG:CD	1:A:64:GLU:CD	0.47	2.83	19	1
1:A:62:THR:HG22	1:A:64:GLU:OE1	0.47	2.10	2	1
1:A:33:TRP:CA	1:A:78:VAL:C	0.47	2.82	3	1
1:A:25:ILE:HD12	1:A:35:ASN:HD21	0.47	1.65	15	1
1:A:73:TYR:HB3	1:A:74:GLN:HE21	0.47	1.70	17	1
1:A:82:ILE:O	1:A:85:GLN:NE2	0.47	2.48	16	1
1:A:32:ASP:OD1	1:A:80:LEU:CD2	0.47	2.59	5	1
1:A:80:LEU:CD2	1:A:84:LYS:CG	0.47	2.93	19	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:84:LYS:C	1:A:88:GLU:OE1	0.47	2.53	2	1
1:A:65:LYS:CG	1:A:67:GLN:NE2	0.47	2.72	4	1
1:A:58:VAL:HG22	1:A:63:HIS:N	0.47	2.24	6	1
1:A:93:TYR:CE1	1:A:94:ASP:CG	0.47	2.89	17	1
1:A:96:LEU:CD1	1:A:96:LEU:H	0.46	2.23	7	1
1:A:15:VAL:HG21	1:A:26:MET:CB	0.46	2.39	10	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:50:ARG:NH1	0.46	2.25	10	1
1:A:67:GLN:NE2	1:A:67:GLN:N	0.46	2.63	10	1
1:A:6:TYR:CE1	1:A:8:ALA:CB	0.46	2.85	11	1
1:A:31:ASP:OD1	1:A:79:PRO:HA	0.46	2.09	6	1
1:A:50:ARG:O	1:A:50:ARG:NH1	0.46	2.48	7	1
1:A:117:HIS:CE1	1:A:118:HIS:HD1	0.46	2.28	4	1
1:A:82:ILE:HG13	1:A:85:GLN:NE2	0.46	2.25	9	1
1:A:5:ILE:CG1	1:A:99:LEU:CB	0.46	2.93	17	1
1:A:120:ALA:HB3	1:A:122:LYS:HZ3	0.46	1.68	1	1
1:A:10:TYR:CE2	1:A:26:MET:HE3	0.46	2.45	13	1
1:A:27:LYS:CD	1:A:32:ASP:HB3	0.46	2.36	9	1
1:A:41:LYS:HD3	1:A:41:LYS:H	0.46	1.64	9	1
1:A:16:TYR:CD1	1:A:27:LYS:HD2	0.46	2.46	17	1
1:A:61:GLU:HG3	1:A:78:VAL:HG12	0.46	1.87	1	1
1:A:4:GLN:O	1:A:6:TYR:HE1	0.46	1.91	7	1
1:A:32:ASP:HB3	1:A:80:LEU:HG	0.46	1.86	9	1
1:A:64:GLU:CG	1:A:77:TRP:O	0.46	2.62	9	1
1:A:6:TYR:O	1:A:16:TYR:HA	0.46	2.10	14	3
1:A:6:TYR:CD2	1:A:17:GLU:OE2	0.46	2.69	19	2
1:A:4:GLN:HG2	1:A:6:TYR:CE1	0.46	2.44	2	1
1:A:26:MET:SD	1:A:73:TYR:CB	0.46	3.02	10	1
1:A:50:ARG:HG3	1:A:54:LEU:HD11	0.46	1.88	18	1
1:A:15:VAL:CG2	1:A:16:TYR:H	0.46	2.24	8	1
1:A:41:LYS:NZ	1:A:45:PHE:CA	0.46	2.69	14	1
1:A:34:VAL:H	1:A:78:VAL:N	0.46	2.08	17	3
1:A:6:TYR:CE1	1:A:18:PHE:HA	0.46	2.46	7	1
1:A:46:ALA:O	1:A:47:LYS:HG3	0.46	2.09	7	1
1:A:6:TYR:CZ	1:A:18:PHE:CA	0.46	2.89	7	1
1:A:72:LYS:O	1:A:72:LYS:CG	0.46	2.63	13	1
1:A:60:LYS:HG3	1:A:61:GLU:OE1	0.46	2.10	2	1
1:A:50:ARG:CB	1:A:54:LEU:HD12	0.46	2.40	4	1
1:A:27:LYS:CE	1:A:32:ASP:O	0.46	2.64	14	1
1:A:28:ARG:NE	1:A:28:ARG:N	0.46	2.63	5	1
1:A:18:PHE:HZ	1:A:27:LYS:CG	0.46	2.24	19	1
1:A:65:LYS:HG3	1:A:67:GLN:NE2	0.46	2.25	13	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:TYR:CB	1:A:27:LYS:HB2	0.46	2.40	2	1
1:A:72:LYS:C	1:A:72:LYS:CE	0.46	2.84	10	1
1:A:40:LEU:CG	1:A:54:LEU:HD22	0.46	2.40	11	2
1:A:79:PRO:CG	1:A:82:ILE:CG1	0.46	2.81	11	1
1:A:4:GLN:OE1	1:A:4:GLN:HA	0.46	2.09	18	1
1:A:50:ARG:HG3	1:A:50:ARG:NH1	0.46	2.25	6	1
1:A:44:ASN:C	1:A:45:PHE:CD2	0.46	2.88	16	1
1:A:5:ILE:CD1	1:A:5:ILE:O	0.46	2.63	16	1
1:A:31:ASP:O	1:A:32:ASP:C	0.46	2.54	3	10
1:A:37:THR:CA	1:A:41:LYS:CD	0.46	2.71	19	1
1:A:50:ARG:HD3	1:A:50:ARG:N	0.46	2.26	19	1
1:A:84:LYS:HG3	1:A:100:PHE:CE2	0.46	2.46	3	1
1:A:50:ARG:HG2	1:A:50:ARG:O	0.46	2.08	15	1
1:A:53:ILE:O	1:A:57:GLU:N	0.46	2.49	12	2
1:A:50:ARG:HG3	1:A:54:LEU:CG	0.46	2.40	5	1
1:A:54:LEU:N	1:A:54:LEU:HD12	0.46	2.26	5	1
1:A:49:LYS:HE3	1:A:53:ILE:CD1	0.46	2.41	7	1
1:A:16:TYR:CD1	1:A:18:PHE:CG	0.46	3.04	15	1
1:A:44:ASN:ND2	1:A:50:ARG:HH11	0.46	2.09	10	1
1:A:70:PHE:HE1	1:A:77:TRP:CH2	0.46	2.28	9	1
1:A:95:GLN:CD	1:A:95:GLN:N	0.46	2.67	18	1
1:A:19:ILE:HD12	1:A:24:SER:HB2	0.46	1.82	16	1
1:A:90:PHE:CD2	1:A:90:PHE:O	0.46	2.69	5	1
1:A:18:PHE:CZ	1:A:27:LYS:CG	0.46	2.99	19	1
1:A:99:LEU:HD11	1:A:100:PHE:CE1	0.46	2.46	7	1
1:A:19:ILE:HD12	1:A:23:GLY:O	0.46	2.10	15	1
1:A:20:HIS:HD1	1:A:21:SER:N	0.46	2.09	10	1
1:A:64:GLU:CA	1:A:64:GLU:OE1	0.46	2.58	18	2
1:A:93:TYR:CD1	1:A:93:TYR:N	0.46	2.84	18	1
1:A:117:HIS:H	1:A:117:HIS:CD2	0.46	2.27	18	1
1:A:64:GLU:OE1	1:A:77:TRP:CH2	0.45	2.69	14	1
1:A:28:ARG:HH12	1:A:64:GLU:CB	0.45	2.24	1	1
1:A:80:LEU:HD23	1:A:80:LEU:O	0.45	2.12	1	1
1:A:26:MET:HE1	1:A:71:GLY:HA2	0.45	1.88	7	1
1:A:74:GLN:NE2	1:A:74:GLN:N	0.45	2.63	18	2
1:A:70:PHE:O	1:A:70:PHE:CD2	0.45	2.68	11	1
1:A:28:ARG:NH1	1:A:77:TRP:NE1	0.45	2.63	5	1
1:A:34:VAL:HG12	1:A:38:HIS:ND1	0.45	2.25	19	1
1:A:41:LYS:HE3	1:A:54:LEU:CD2	0.45	2.39	15	2
1:A:50:ARG:NH1	1:A:54:LEU:HB3	0.45	2.17	7	1
1:A:53:ILE:CA	1:A:56:LYS:HD2	0.45	2.40	4	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:74:GLN:NE2	1:A:77:TRP:CG	0.45	2.84	4	1
1:A:95:GLN:O	1:A:98:PRO:HD2	0.45	2.10	9	3
1:A:15:VAL:CG1	1:A:16:TYR:N	0.45	2.78	11	1
1:A:22:THR:OG1	1:A:38:HIS:HE1	0.45	1.93	11	1
1:A:53:ILE:CG2	1:A:54:LEU:H	0.45	2.24	6	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:54:LEU:CD1	0.45	2.41	19	1
1:A:29:LYS:O	1:A:29:LYS:CD	0.45	2.63	2	1
1:A:20:HIS:HD1	1:A:21:SER:H	0.45	1.54	10	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:44:ASN:OD1	0.45	2.11	18	1
1:A:60:LYS:HZ2	1:A:60:LYS:CB	0.45	2.09	18	1
1:A:61:GLU:OE1	1:A:82:ILE:HG13	0.45	2.11	16	1
1:A:86:LEU:CD2	1:A:86:LEU:O	0.45	2.48	16	1
1:A:93:TYR:CD1	1:A:100:PHE:CE2	0.45	3.05	14	1
1:A:10:TYR:HB3	1:A:70:PHE:CD1	0.45	2.47	1	1
1:A:32:ASP:OD2	1:A:80:LEU:HB2	0.45	2.11	5	1
1:A:4:GLN:NE2	1:A:19:ILE:CG2	0.45	2.77	9	1
1:A:5:ILE:CG1	1:A:18:PHE:HE2	0.45	2.18	9	1
1:A:5:ILE:HG12	1:A:99:LEU:CA	0.45	2.41	17	1
1:A:20:HIS:HE2	1:A:42:ALA:CB	0.45	2.24	19	1
1:A:50:ARG:HH12	1:A:53:ILE:CG2	0.45	2.23	13	1
1:A:26:MET:H	1:A:74:GLN:HG2	0.45	1.69	2	1
1:A:63:HIS:ND1	1:A:76:THR:HG22	0.45	2.26	2	1
1:A:18:PHE:HE2	1:A:27:LYS:CE	0.45	2.25	6	1
1:A:54:LEU:HD21	1:A:76:THR:HB	0.45	1.88	6	1
1:A:51:THR:HG22	1:A:52:ARG:N	0.45	2.26	1	3
1:A:28:ARG:CA	1:A:33:TRP:HD1	0.45	2.23	5	1
1:A:26:MET:HE2	1:A:74:GLN:CD	0.45	2.29	7	1
1:A:20:HIS:HE2	1:A:95:GLN:HB3	0.45	1.69	4	1
1:A:120:ALA:HB3	1:A:122:LYS:HZ1	0.45	1.71	1	1
1:A:62:THR:OG1	1:A:79:PRO:HG3	0.45	2.12	15	1
1:A:54:LEU:CD2	1:A:58:VAL:CG1	0.45	2.91	9	1
1:A:6:TYR:HE1	1:A:8:ALA:HB2	0.45	1.56	11	1
1:A:44:ASN:O	1:A:50:ARG:HD2	0.45	2.12	8	1
1:A:93:TYR:N	1:A:93:TYR:HD1	0.45	2.08	12	1
1:A:54:LEU:CD1	1:A:55:GLU:CA	0.45	2.88	7	1
1:A:16:TYR:OH	1:A:25:ILE:HG22	0.45	2.12	3	2
1:A:33:TRP:CE3	1:A:79:PRO:HD3	0.45	2.47	11	1
1:A:16:TYR:CA	1:A:18:PHE:CE1	0.45	2.97	6	1
1:A:20:HIS:HE1	1:A:99:LEU:HD23	0.45	1.69	6	1
1:A:20:HIS:NE2	1:A:95:GLN:HB2	0.45	2.19	16	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:92:VAL:HG13	0.45	2.40	11	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:5:ILE:HD11	1:A:18:PHE:CB	0.45	2.33	3	1
1:A:6:TYR:O	1:A:18:PHE:CD1	0.45	2.66	3	1
1:A:50:ARG:NH1	1:A:53:ILE:HD13	0.45	2.23	10	1
1:A:119:HIS:ND1	1:A:119:HIS:C	0.45	2.70	9	1
1:A:14:ASP:C	1:A:15:VAL:HG23	0.45	2.31	11	1
1:A:72:LYS:CE	1:A:72:LYS:H	0.45	2.25	5	1
1:A:74:GLN:OE1	1:A:74:GLN:CA	0.45	2.64	19	1
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:HD2	0.45	1.89	7	1
1:A:57:GLU:CA	1:A:57:GLU:OE1	0.45	2.59	3	1
1:A:44:ASN:ND2	1:A:53:ILE:HD11	0.45	2.27	17	1
1:A:9:ARG:NH2	1:A:13:VAL:HA	0.45	2.27	16	1
1:A:4:GLN:CD	1:A:6:TYR:CZ	0.44	2.84	1	1
1:A:13:VAL:HG22	1:A:30:LYS:HE2	0.44	1.89	19	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:25:ILE:C	0.44	2.87	19	1
1:A:16:TYR:CG	1:A:27:LYS:HB2	0.44	2.46	2	1
1:A:4:GLN:O	1:A:99:LEU:HD22	0.44	2.11	10	1
1:A:65:LYS:HB3	1:A:67:GLN:HE21	0.44	1.73	17	1
1:A:27:LYS:HE2	1:A:34:VAL:HB	0.44	1.89	8	1
1:A:64:GLU:OE2	1:A:77:TRP:HZ3	0.44	1.94	14	1
1:A:41:LYS:CA	1:A:50:ARG:HD3	0.44	2.42	5	1
1:A:11:SER:N	1:A:70:PHE:CD1	0.44	2.84	19	1
1:A:80:LEU:HD13	1:A:81:ASN:CA	0.44	2.42	19	1
1:A:20:HIS:CE1	1:A:99:LEU:CB	0.44	2.86	3	1
1:A:66:VAL:HB	1:A:74:GLN:HE21	0.44	1.72	15	1
1:A:8:ALA:O	1:A:14:ASP:CA	0.44	2.65	15	1
1:A:14:ASP:N	1:A:29:LYS:HG3	0.44	2.27	18	1
1:A:44:ASN:C	1:A:45:PHE:CD1	0.44	2.90	17	1
1:A:70:PHE:HE1	1:A:77:TRP:CZ2	0.44	2.31	9	2
1:A:65:LYS:CD	1:A:65:LYS:O	0.44	2.65	5	1
1:A:74:GLN:HE21	1:A:74:GLN:C	0.44	2.13	4	1
1:A:74:GLN:HE21	1:A:75:GLY:C	0.44	2.16	4	2
1:A:16:TYR:HD1	1:A:18:PHE:CE1	0.44	2.24	15	1
1:A:55:GLU:OE2	1:A:56:LYS:CB	0.44	2.65	10	1
1:A:88:GLU:OE1	1:A:100:PHE:HE1	0.44	1.93	11	1
1:A:27:LYS:HG2	1:A:32:ASP:C	0.44	2.32	18	1
1:A:40:LEU:C	1:A:41:LYS:CE	0.44	2.83	6	1
1:A:66:VAL:HG22	1:A:71:GLY:C	0.44	2.21	16	1
1:A:74:GLN:NE2	1:A:77:TRP:CE2	0.44	2.86	1	1
1:A:47:LYS:NZ	1:A:48:ALA:HB3	0.44	2.27	5	1
1:A:37:THR:O	1:A:41:LYS:CA	0.44	2.66	11	8
1:A:40:LEU:HB3	1:A:54:LEU:HD12	0.44	1.88	2	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:80:LEU:CG	1:A:81:ASN:N	0.44	2.79	4	2
1:A:6:TYR:N	1:A:18:PHE:CE1	0.44	2.85	15	1
1:A:7:SER:N	1:A:17:GLU:CD	0.44	2.70	9	1
1:A:28:ARG:HB3	1:A:33:TRP:H	0.44	1.71	17	1
1:A:27:LYS:HD2	1:A:34:VAL:HG22	0.44	1.89	13	1
1:A:50:ARG:O	1:A:54:LEU:HD12	0.44	2.12	4	1
1:A:50:ARG:HB3	1:A:54:LEU:HD12	0.44	1.90	4	1
1:A:121:SER:C	1:A:122:LYS:HD3	0.44	2.33	4	1
1:A:28:ARG:O	1:A:32:ASP:OD1	0.44	2.34	18	1
1:A:18:PHE:CE2	1:A:27:LYS:CE	0.44	3.00	6	1
1:A:28:ARG:CZ	1:A:77:TRP:HB3	0.44	2.42	5	1
1:A:48:ALA:C	1:A:51:THR:HG22	0.44	2.18	7	1
1:A:50:ARG:NH1	1:A:50:ARG:N	0.44	2.66	4	1
1:A:18:PHE:O	1:A:25:ILE:CG1	0.44	2.66	15	2
1:A:16:TYR:CE2	1:A:34:VAL:HG13	0.44	2.47	15	1
1:A:18:PHE:HB2	1:A:20:HIS:CD2	0.44	2.47	12	2
1:A:9:ARG:NH2	1:A:13:VAL:CA	0.44	2.80	16	1
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:CD	0.44	2.39	16	1
1:A:66:VAL:HB	1:A:77:TRP:CE2	0.44	2.47	16	1
1:A:35:ASN:C	1:A:76:THR:O	0.44	2.51	16	1
1:A:41:LYS:CA	1:A:44:ASN:OD1	0.44	2.63	19	1
1:A:25:ILE:CG1	1:A:35:ASN:HD21	0.44	2.26	3	2
1:A:4:GLN:CB	1:A:6:TYR:HE1	0.44	2.25	10	1
1:A:38:HIS:HE2	1:A:99:LEU:HD13	0.44	1.72	18	1
1:A:89:LYS:NZ	1:A:90:PHE:HB3	0.44	2.28	18	1
1:A:95:GLN:CA	1:A:95:GLN:OE1	0.44	2.63	18	1
1:A:16:TYR:HE1	1:A:29:LYS:CD	0.44	2.26	16	1
1:A:50:ARG:H	1:A:50:ARG:HH11	0.44	1.54	14	1
1:A:84:LYS:HE2	1:A:100:PHE:CD1	0.44	2.47	5	1
1:A:55:GLU:CD	1:A:59:LEU:HD12	0.44	2.32	3	1
1:A:4:GLN:C	1:A:18:PHE:HD1	0.44	2.16	11	1
1:A:63:HIS:O	1:A:64:GLU:HG2	0.44	2.13	11	1
1:A:78:VAL:HG23	1:A:83:ALA:HB2	0.44	1.90	8	1
1:A:84:LYS:CG	1:A:88:GLU:OE1	0.44	2.60	8	1
1:A:84:LYS:HE2	1:A:99:LEU:CD2	0.44	2.43	5	1
1:A:41:LYS:HA	1:A:44:ASN:CG	0.44	2.33	7	1
1:A:65:LYS:CB	1:A:67:GLN:HE22	0.44	2.26	13	1
1:A:16:TYR:HD2	1:A:27:LYS:HE2	0.44	1.71	15	1
1:A:15:VAL:HG23	1:A:26:MET:CE	0.44	2.34	6	1
1:A:8:ALA:HB1	1:A:26:MET:HE1	0.44	1.89	6	1
1:A:96:LEU:HD13	1:A:99:LEU:CB	0.44	2.43	16	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:18:PHE:CD2	1:A:99:LEU:HG	0.44	2.44	16	1
1:A:22:THR:HG21	1:A:37:THR:HG21	0.44	1.90	8	1
1:A:85:GLN:O	1:A:85:GLN:HG2	0.44	2.13	8	1
1:A:54:LEU:HD11	1:A:76:THR:HB	0.44	1.86	12	1
1:A:49:LYS:CB	1:A:50:ARG:HH11	0.43	2.12	14	1
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:HG2	0.43	1.89	19	1
1:A:54:LEU:HD12	1:A:58:VAL:HG22	0.43	1.89	15	1
1:A:119:HIS:N	1:A:119:HIS:HD1	0.43	2.11	15	1
1:A:50:ARG:CD	1:A:53:ILE:HD11	0.43	2.42	10	1
1:A:15:VAL:CB	1:A:26:MET:HG2	0.43	2.43	9	1
1:A:13:VAL:CG1	1:A:30:LYS:CD	0.43	2.96	18	1
1:A:21:SER:HB3	1:A:42:ALA:HB2	0.43	1.89	18	1
1:A:41:LYS:HZ3	1:A:46:ALA:CA	0.43	2.25	17	1
1:A:38:HIS:C	1:A:42:ALA:CB	0.43	2.84	17	1
1:A:33:TRP:HE3	1:A:62:THR:HG22	0.43	1.72	16	1
1:A:15:VAL:HG23	1:A:27:LYS:CA	0.43	2.42	8	1
1:A:46:ALA:HA	1:A:50:ARG:HB2	0.43	1.90	17	4
1:A:50:ARG:N	1:A:50:ARG:CZ	0.43	2.81	5	1
1:A:48:ALA:CA	1:A:51:THR:OG1	0.43	2.66	5	1
1:A:13:VAL:HG12	1:A:29:LYS:HB2	0.43	1.90	11	1
1:A:86:LEU:C	1:A:89:LYS:HG3	0.43	2.32	17	1
1:A:18:PHE:C	1:A:19:ILE:HD13	0.43	2.33	16	2
1:A:86:LEU:HD13	1:A:89:LYS:HE3	0.43	1.89	1	1
1:A:29:LYS:O	1:A:30:LYS:C	0.43	2.56	11	6
1:A:71:GLY:HA3	1:A:74:GLN:CD	0.43	2.28	13	1
1:A:99:LEU:HD13	1:A:100:PHE:N	0.43	2.29	2	1
1:A:13:VAL:HG13	1:A:30:LYS:CG	0.43	2.41	9	1
1:A:21:SER:HG	1:A:42:ALA:HA	0.43	1.69	9	1
1:A:9:ARG:HG3	1:A:14:ASP:HB2	0.43	1.89	8	1
1:A:34:VAL:HG21	1:A:80:LEU:HA	0.43	1.90	12	1
1:A:93:TYR:HD1	1:A:100:PHE:CE2	0.43	2.30	14	1
1:A:4:GLN:C	1:A:18:PHE:CZ	0.43	2.92	1	1
1:A:92:VAL:O	1:A:92:VAL:CG1	0.43	2.67	1	1
1:A:20:HIS:NE2	1:A:42:ALA:HB2	0.43	2.24	19	1
1:A:4:GLN:C	1:A:6:TYR:HE1	0.43	2.13	15	1
1:A:53:ILE:HG22	1:A:54:LEU:H	0.43	1.72	15	1
1:A:4:GLN:CB	1:A:6:TYR:CE1	0.43	3.02	10	1
1:A:80:LEU:O	1:A:80:LEU:HD13	0.43	2.11	10	1
1:A:10:TYR:HH	1:A:71:GLY:HA2	0.43	1.74	17	1
1:A:28:ARG:NE	1:A:77:TRP:CE3	0.43	2.86	16	1
1:A:11:SER:O	1:A:13:VAL:CG2	0.43	2.67	7	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:80:LEU:HD22	1:A:81:ASN:CA	0.43	2.43	9	1
1:A:85:GLN:HG2	1:A:85:GLN:O	0.43	2.12	9	1
1:A:6:TYR:CE2	1:A:17:GLU:HG3	0.43	2.39	11	1
1:A:6:TYR:CD1	1:A:17:GLU:HB2	0.43	2.47	11	1
1:A:50:ARG:HG2	1:A:54:LEU:HD12	0.43	1.84	17	1
1:A:26:MET:HB2	1:A:74:GLN:CB	0.43	2.43	16	1
1:A:78:VAL:HB	1:A:83:ALA:CB	0.43	2.40	16	1
1:A:116:LYS:HB2	1:A:116:LYS:NZ	0.43	2.29	14	1
1:A:15:VAL:HG23	1:A:26:MET:HE1	0.43	1.90	2	1
1:A:92:VAL:CG1	1:A:96:LEU:CB	0.43	2.95	2	1
1:A:41:LYS:HZ3	1:A:50:ARG:HB2	0.43	1.71	6	1
1:A:85:GLN:O	1:A:89:LYS:HD3	0.43	2.12	6	1
1:A:124:ASP:OD1	1:A:124:ASP:C	0.43	2.54	8	1
1:A:16:TYR:CE2	1:A:27:LYS:HB3	0.43	2.47	14	1
1:A:33:TRP:H	1:A:33:TRP:HD1	0.43	1.49	4	2
1:A:6:TYR:CZ	1:A:17:GLU:O	0.43	2.70	7	1
1:A:16:TYR:HB2	1:A:27:LYS:HB2	0.43	1.90	2	1
1:A:36:ALA:HB1	1:A:54:LEU:HD23	0.43	1.91	4	1
1:A:30:LYS:CB	1:A:30:LYS:HZ2	0.43	2.27	10	1
1:A:14:ASP:C	1:A:15:VAL:HG13	0.43	2.33	9	1
1:A:40:LEU:CG	1:A:54:LEU:CD2	0.43	2.96	11	1
1:A:19:ILE:C	1:A:20:HIS:HD2	0.43	2.08	6	1
1:A:41:LYS:HZ2	1:A:50:ARG:HE	0.43	1.57	17	1
1:A:74:GLN:N	1:A:74:GLN:HE21	0.43	2.05	17	1
1:A:66:VAL:HG11	1:A:74:GLN:HG3	0.43	1.88	1	1
1:A:50:ARG:CD	1:A:50:ARG:N	0.43	2.81	19	1
1:A:16:TYR:CE2	1:A:32:ASP:OD1	0.43	2.71	13	1
1:A:38:HIS:NE2	1:A:96:LEU:CB	0.43	2.73	2	1
1:A:9:ARG:CG	1:A:14:ASP:HB3	0.43	2.41	2	1
1:A:16:TYR:CD1	1:A:18:PHE:CD1	0.43	3.04	15	1
1:A:13:VAL:CG1	1:A:29:LYS:HB2	0.43	2.43	11	1
1:A:13:VAL:CG1	1:A:29:LYS:N	0.43	2.82	11	1
1:A:31:ASP:HB2	1:A:33:TRP:HZ2	0.43	1.57	11	1
1:A:41:LYS:HG2	1:A:45:PHE:C	0.43	2.34	18	1
1:A:6:TYR:O	1:A:16:TYR:C	0.43	2.56	14	1
1:A:31:ASP:CA	1:A:33:TRP:CZ2	0.43	2.98	5	2
1:A:40:LEU:CG	1:A:57:GLU:OE1	0.43	2.67	18	1
1:A:63:HIS:HD1	1:A:64:GLU:H	0.43	1.55	16	1
1:A:53:ILE:HA	1:A:56:LYS:HG2	0.43	1.91	5	1
1:A:72:LYS:HE3	1:A:72:LYS:C	0.43	2.31	19	1
1:A:92:VAL:HA	1:A:95:GLN:HG3	0.43	1.91	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:51:THR:O	1:A:55:GLU:HG2	0.43	2.13	11	1
1:A:122:LYS:HG3	1:A:123:VAL:N	0.42	2.29	2	1
1:A:18:PHE:CB	1:A:20:HIS:HE2	0.42	2.26	6	1
1:A:79:PRO:HG2	1:A:82:ILE:HG23	0.42	1.89	17	1
1:A:56:LYS:O	1:A:60:LYS:HE3	0.42	2.14	16	1
1:A:61:GLU:OE1	1:A:82:ILE:HG21	0.42	2.14	16	1
1:A:84:LYS:CD	1:A:100:PHE:CZ	0.42	3.02	16	1
1:A:97:LYS:O	1:A:101:ASP:HB3	0.42	2.14	12	1
1:A:17:GLU:OE1	1:A:26:MET:HG2	0.42	2.12	7	1
1:A:63:HIS:ND1	1:A:76:THR:CG2	0.42	2.81	2	1
1:A:16:TYR:N	1:A:27:LYS:O	0.42	2.53	16	1
1:A:87:ALA:C	1:A:89:LYS:H	0.42	2.18	14	2
1:A:64:GLU:C	1:A:65:LYS:HD2	0.42	2.33	3	1
1:A:119:HIS:ND1	1:A:120:ALA:O	0.42	2.47	9	1
1:A:66:VAL:O	1:A:66:VAL:HG13	0.42	2.14	8	1
1:A:65:LYS:HD3	1:A:76:THR:HG23	0.42	1.91	8	1
1:A:40:LEU:O	1:A:44:ASN:N	0.42	2.52	12	1
1:A:66:VAL:CG1	1:A:74:GLN:OE1	0.42	2.58	1	1
1:A:35:ASN:C	1:A:35:ASN:HD22	0.42	2.18	5	1
1:A:11:SER:HG	1:A:13:VAL:HG23	0.42	1.73	7	1
1:A:51:THR:HG23	1:A:52:ARG:N	0.42	2.28	7	1
1:A:96:LEU:HD12	1:A:96:LEU:O	0.42	2.14	2	1
1:A:5:ILE:CD1	1:A:18:PHE:CE2	0.42	3.02	4	1
1:A:118:HIS:CD2	1:A:118:HIS:O	0.42	2.72	9	1
1:A:122:LYS:CB	1:A:122:LYS:NZ	0.42	2.79	17	1
1:A:28:ARG:NH2	1:A:30:LYS:HG3	0.42	2.30	14	1
1:A:49:LYS:HB3	1:A:50:ARG:HH22	0.42	1.75	1	1
1:A:41:LYS:O	1:A:45:PHE:N	0.42	2.51	5	1
1:A:71:GLY:HA3	1:A:77:TRP:CH2	0.42	2.50	15	1
1:A:19:ILE:HG22	1:A:19:ILE:O	0.42	2.15	10	1
1:A:40:LEU:HD12	1:A:44:ASN:HD22	0.42	1.73	6	1
1:A:22:THR:HB	1:A:41:LYS:CG	0.42	2.45	16	1
1:A:34:VAL:HG12	1:A:78:VAL:CG2	0.42	2.36	8	1
1:A:32:ASP:OD2	1:A:80:LEU:CB	0.42	2.68	5	1
1:A:47:LYS:NZ	1:A:47:LYS:HB3	0.42	2.28	2	1
1:A:46:ALA:HA	1:A:50:ARG:HG3	0.42	1.90	4	1
1:A:50:ARG:HH11	1:A:50:ARG:HA	0.42	1.58	4	1
1:A:24:SER:OG	1:A:73:TYR:HD2	0.42	1.98	15	1
1:A:66:VAL:CB	1:A:72:LYS:HA	0.42	2.42	11	1
1:A:28:ARG:NE	1:A:77:TRP:HB3	0.42	2.29	5	1
1:A:72:LYS:HE2	1:A:72:LYS:H	0.42	1.75	5	1

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:39:ILE:C	1:A:40:LEU:HD13	0.42	2.34	7	1
1:A:52:ARG:HE	1:A:52:ARG:CA	0.42	2.26	4	1
1:A:64:GLU:OE1	1:A:64:GLU:CA	0.42	2.65	10	2
1:A:92:VAL:HG23	1:A:96:LEU:CD2	0.42	2.43	10	1
1:A:33:TRP:C	1:A:80:LEU:HD12	0.42	2.35	11	1
1:A:34:VAL:HG23	1:A:83:ALA:CB	0.42	2.44	17	1
1:A:66:VAL:HG11	1:A:77:TRP:CH2	0.42	2.49	17	1
1:A:93:TYR:O	1:A:94:ASP:C	0.42	2.58	8	2
1:A:40:LEU:HG	1:A:57:GLU:HG2	0.42	1.92	1	1
1:A:16:TYR:CG	1:A:27:LYS:CB	0.42	2.80	3	1
1:A:95:GLN:NE2	1:A:95:GLN:N	0.42	2.67	15	1
1:A:10:TYR:O	1:A:13:VAL:HB	0.42	2.15	10	1
1:A:8:ALA:O	1:A:15:VAL:HG13	0.42	2.13	10	1
1:A:92:VAL:HG23	1:A:96:LEU:HD21	0.42	1.91	10	1
1:A:66:VAL:HG12	1:A:70:PHE:C	0.42	2.29	18	1
1:A:22:THR:HB	1:A:41:LYS:HG2	0.42	1.92	16	1
1:A:26:MET:HB3	1:A:74:GLN:N	0.42	2.30	1	1
1:A:84:LYS:CG	1:A:85:GLN:N	0.42	2.81	11	2
1:A:27:LYS:HB3	1:A:27:LYS:HE2	0.42	1.54	10	2
1:A:40:LEU:HD22	1:A:40:LEU:HA	0.42	1.64	13	1
1:A:30:LYS:HE2	1:A:30:LYS:HB3	0.42	1.51	15	1
1:A:66:VAL:HG21	1:A:72:LYS:C	0.42	2.34	11	1
1:A:72:LYS:HE3	1:A:73:TYR:CD1	0.42	2.50	11	1
1:A:6:TYR:CA	1:A:17:GLU:O	0.42	2.67	6	1
1:A:26:MET:SD	1:A:73:TYR:CD2	0.42	3.13	12	1
1:A:61:GLU:OE2	1:A:78:VAL:CG1	0.42	2.68	1	1
1:A:37:THR:OG1	1:A:41:LYS:NZ	0.42	2.42	19	1
1:A:39:ILE:HD13	1:A:83:ALA:HB1	0.42	1.92	19	1
1:A:43:ALA:HB3	1:A:44:ASN:ND2	0.42	2.30	4	1
1:A:16:TYR:HB3	1:A:18:PHE:HE1	0.42	1.72	9	1
1:A:16:TYR:CE2	1:A:32:ASP:HA	0.42	2.50	16	1
1:A:25:ILE:HA	1:A:38:HIS:CE1	0.42	2.49	12	1
1:A:28:ARG:HG2	1:A:33:TRP:CH2	0.42	2.48	12	1
1:A:4:GLN:HA	1:A:4:GLN:OE1	0.42	2.14	12	1
1:A:28:ARG:HH12	1:A:64:GLU:HB3	0.41	1.74	1	1
1:A:49:LYS:HE3	1:A:53:ILE:CG1	0.41	2.29	1	1
1:A:58:VAL:HG12	1:A:59:LEU:H	0.41	1.74	8	3
1:A:66:VAL:HB	1:A:74:GLN:NE2	0.41	2.27	13	1
1:A:80:LEU:CD1	1:A:84:LYS:NZ	0.41	2.83	13	1
1:A:54:LEU:HD12	1:A:54:LEU:HA	0.41	1.66	15	1
1:A:16:TYR:OH	1:A:29:LYS:CA	0.41	2.62	10	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:80:LEU:HD21	1:A:84:LYS:HB3	0.41	1.86	10	1
1:A:66:VAL:CG2	1:A:74:GLN:HB2	0.41	2.34	9	1
1:A:118:HIS:C	1:A:118:HIS:CD2	0.41	2.92	18	1
1:A:87:ALA:CB	1:A:91:SER:HB2	0.41	2.45	17	1
1:A:9:ARG:HH21	1:A:13:VAL:CA	0.41	2.28	16	1
1:A:53:ILE:CD1	1:A:54:LEU:N	0.41	2.84	10	1
1:A:92:VAL:N	1:A:96:LEU:HD11	0.41	2.29	9	1
1:A:33:TRP:HB3	1:A:78:VAL:CA	0.41	2.45	11	1
1:A:37:THR:CB	1:A:41:LYS:HB3	0.41	2.44	17	1
1:A:65:LYS:O	1:A:65:LYS:HG3	0.41	2.13	16	1
1:A:122:LYS:HE2	1:A:122:LYS:HB3	0.41	1.69	16	1
1:A:94:ASP:OD2	1:A:95:GLN:N	0.41	2.53	12	1
1:A:17:GLU:HA	1:A:26:MET:CG	0.41	2.39	19	1
1:A:44:ASN:HD21	1:A:50:ARG:HE	0.41	1.52	7	1
1:A:28:ARG:NH1	1:A:30:LYS:HE2	0.41	2.29	13	1
1:A:98:PRO:CA	1:A:101:ASP:HB2	0.41	2.42	4	1
1:A:62:THR:HB	1:A:78:VAL:HG13	0.41	1.91	3	1
1:A:55:GLU:OE1	1:A:55:GLU:O	0.41	2.39	10	1
1:A:22:THR:HB	1:A:38:HIS:CD2	0.41	2.50	6	1
1:A:35:ASN:HB3	1:A:38:HIS:ND1	0.41	2.30	12	1
1:A:11:SER:HA	1:A:70:PHE:CD2	0.41	2.49	1	1
1:A:34:VAL:HG11	1:A:38:HIS:HE1	0.41	1.73	19	1
1:A:116:LYS:HZ1	1:A:119:HIS:CE1	0.41	2.33	13	1
1:A:96:LEU:CD1	1:A:100:PHE:CD1	0.41	3.03	2	1
1:A:33:TRP:CE3	1:A:79:PRO:CG	0.41	3.03	3	1
1:A:64:GLU:N	1:A:76:THR:HG22	0.41	2.31	3	1
1:A:9:ARG:HB3	1:A:14:ASP:OD2	0.41	2.15	3	1
1:A:30:LYS:HE3	1:A:30:LYS:CA	0.41	2.44	3	1
1:A:40:LEU:HB3	1:A:41:LYS:NZ	0.41	2.30	15	1
1:A:26:MET:HB2	1:A:74:GLN:N	0.41	2.31	16	2
1:A:34:VAL:CG1	1:A:39:ILE:HD11	0.41	2.44	18	2
1:A:30:LYS:N	1:A:30:LYS:HD2	0.41	2.30	18	1
1:A:99:LEU:HD23	1:A:100:PHE:CA	0.41	2.44	18	1
1:A:35:ASN:CG	1:A:74:GLN:C	0.41	2.75	5	1
1:A:40:LEU:HD23	1:A:54:LEU:HD12	0.41	1.93	19	1
1:A:117:HIS:O	1:A:119:HIS:ND1	0.41	2.53	19	1
1:A:61:GLU:OE2	1:A:82:ILE:CB	0.41	2.68	15	1
1:A:55:GLU:CD	1:A:55:GLU:O	0.41	2.57	10	1
1:A:58:VAL:CG1	1:A:63:HIS:CA	0.41	2.98	11	1
1:A:24:SER:H	1:A:73:TYR:HE1	0.41	1.59	18	1
1:A:34:VAL:CG1	1:A:78:VAL:O	0.41	2.68	6	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:15:VAL:HG23	1:A:16:TYR:H	0.41	1.72	16	1
1:A:56:LYS:HD3	1:A:56:LYS:HA	0.41	1.69	12	1
1:A:26:MET:O	1:A:28:ARG:NH2	0.41	2.54	5	1
1:A:50:ARG:NE	1:A:53:ILE:CG1	0.41	2.83	10	1
1:A:50:ARG:NH2	1:A:53:ILE:HG12	0.41	2.27	10	1
1:A:78:VAL:HG12	1:A:79:PRO:CD	0.41	2.44	10	1
1:A:6:TYR:HD2	1:A:17:GLU:HG2	0.41	1.71	12	1
1:A:57:GLU:OE2	1:A:86:LEU:HD11	0.41	2.15	14	1
1:A:41:LYS:HA	1:A:50:ARG:CD	0.41	2.46	5	1
1:A:29:LYS:CG	1:A:30:LYS:N	0.41	2.79	7	1
1:A:45:PHE:HB3	1:A:47:LYS:HD2	0.41	1.91	7	1
1:A:5:ILE:HD13	1:A:99:LEU:CD1	0.41	2.45	13	1
1:A:32:ASP:OD1	1:A:32:ASP:C	0.41	2.58	2	1
1:A:67:GLN:N	1:A:70:PHE:CE2	0.41	2.82	2	1
1:A:41:LYS:HG2	1:A:50:ARG:HG3	0.41	1.88	4	1
1:A:54:LEU:HG	1:A:58:VAL:CG2	0.41	2.40	3	1
1:A:72:LYS:CE	1:A:73:TYR:CD2	0.41	3.04	3	1
1:A:6:TYR:N	1:A:18:PHE:HE1	0.41	2.13	15	1
1:A:80:LEU:HA	1:A:83:ALA:HB3	0.41	1.93	9	1
1:A:28:ARG:HG3	1:A:77:TRP:CE3	0.41	2.50	6	1
1:A:95:GLN:CA	1:A:96:LEU:HD23	0.41	2.43	6	1
1:A:31:ASP:N	1:A:33:TRP:NE1	0.41	2.58	16	1
1:A:18:PHE:HZ	1:A:95:GLN:O	0.41	1.99	16	1
1:A:31:ASP:C	1:A:33:TRP:NE1	0.41	2.73	12	1
1:A:4:GLN:CA	1:A:4:GLN:OE1	0.41	2.67	12	1
1:A:28:ARG:NH1	1:A:64:GLU:CB	0.41	2.84	1	1
1:A:8:ALA:HB1	1:A:10:TYR:HH	0.41	1.71	5	1
1:A:65:LYS:CD	1:A:65:LYS:N	0.41	2.83	3	1
1:A:65:LYS:HB3	1:A:67:GLN:HE22	0.41	1.76	3	1
1:A:16:TYR:CD2	1:A:27:LYS:HE3	0.41	2.49	12	2
1:A:57:GLU:OE2	1:A:57:GLU:C	0.41	2.57	9	1
1:A:86:LEU:HD22	1:A:86:LEU:C	0.41	2.36	18	1
1:A:40:LEU:CD1	1:A:44:ASN:HD22	0.41	2.29	6	1
1:A:38:HIS:CA	1:A:42:ALA:HB2	0.41	2.45	17	1
1:A:96:LEU:HB3	1:A:99:LEU:HD22	0.41	1.92	17	1
1:A:24:SER:OG	1:A:73:TYR:HB3	0.41	2.15	8	1
1:A:81:ASN:OD1	1:A:82:ILE:HG23	0.41	2.16	14	1
1:A:39:ILE:HG23	1:A:91:SER:CB	0.41	2.46	1	1
1:A:72:LYS:HE2	1:A:72:LYS:HB3	0.41	1.53	5	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:38:HIS:HA	0.41	2.51	19	1
1:A:116:LYS:HD3	1:A:119:HIS:CE1	0.41	2.51	19	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:46:ALA:C	1:A:47:LYS:HG3	0.41	2.36	7	1
1:A:84:LYS:HE3	1:A:100:PHE:CE1	0.41	2.49	7	1
1:A:43:ALA:HB3	1:A:44:ASN:HD21	0.41	1.74	4	1
1:A:53:ILE:N	1:A:56:LYS:HD2	0.41	2.31	4	1
1:A:68:GLY:C	1:A:70:PHE:CZ	0.41	2.95	15	1
1:A:89:LYS:HA	1:A:89:LYS:HD2	0.41	1.50	10	1
1:A:25:ILE:HG12	1:A:35:ASN:HD21	0.41	1.76	9	1
1:A:15:VAL:CG1	1:A:26:MET:CA	0.41	2.99	11	1
1:A:4:GLN:OE1	1:A:4:GLN:CA	0.41	2.68	18	1
1:A:27:LYS:HG3	1:A:34:VAL:HA	0.41	1.93	6	1
1:A:56:LYS:HE3	1:A:57:GLU:HB2	0.41	1.93	16	1
1:A:82:ILE:CG1	1:A:83:ALA:N	0.41	2.83	8	1
1:A:15:VAL:HG23	1:A:26:MET:HG2	0.41	1.92	12	1
1:A:96:LEU:O	1:A:100:PHE:HD2	0.41	1.99	1	1
1:A:61:GLU:OE2	1:A:78:VAL:HG11	0.41	2.15	1	1
1:A:7:SER:C	1:A:16:TYR:HA	0.41	2.35	13	1
1:A:27:LYS:HD3	1:A:34:VAL:HG13	0.41	1.93	13	1
1:A:7:SER:HA	1:A:16:TYR:HB3	0.41	1.92	13	1
1:A:63:HIS:NE2	1:A:65:LYS:NZ	0.41	2.66	2	1
1:A:20:HIS:ND1	1:A:38:HIS:CB	0.41	2.84	4	1
1:A:50:ARG:NH1	1:A:53:ILE:HD11	0.41	2.29	10	1
1:A:52:ARG:HA	1:A:55:GLU:HG2	0.41	1.91	11	1
1:A:28:ARG:NE	1:A:33:TRP:CH2	0.41	2.89	17	1
1:A:32:ASP:OD1	1:A:32:ASP:N	0.41	2.53	17	1
1:A:84:LYS:O	1:A:88:GLU:N	0.40	2.54	14	1
1:A:52:ARG:O	1:A:56:LYS:HG2	0.40	2.16	1	1
1:A:87:ALA:CB	1:A:91:SER:HB3	0.40	2.46	5	1
1:A:41:LYS:HG3	1:A:50:ARG:HG2	0.40	1.93	19	1
1:A:50:ARG:CZ	1:A:50:ARG:N	0.40	2.84	13	1
1:A:38:HIS:NE2	1:A:39:ILE:HG13	0.40	2.31	10	1
1:A:41:LYS:HE3	1:A:44:ASN:HD21	0.40	1.71	6	1
1:A:16:TYR:C	1:A:27:LYS:HD3	0.40	2.33	16	1
1:A:63:HIS:NE2	1:A:65:LYS:HE3	0.40	2.31	16	1
1:A:33:TRP:CE3	1:A:62:THR:OG1	0.40	2.65	8	1
1:A:79:PRO:CB	1:A:82:ILE:CG1	0.40	2.83	12	1
1:A:6:TYR:HB2	1:A:17:GLU:HB2	0.40	1.92	14	1
1:A:22:THR:HG1	1:A:37:THR:HG22	0.40	1.73	1	1
1:A:82:ILE:CD1	1:A:82:ILE:C	0.40	2.87	1	1
1:A:35:ASN:O	1:A:38:HIS:N	0.40	2.53	5	1
1:A:47:LYS:HG2	1:A:48:ALA:H	0.40	1.59	5	1
1:A:94:ASP:O	1:A:95:GLN:C	0.40	2.60	13	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:LEU:O	1:A:58:VAL:CA	0.40	2.69	4	1
1:A:20:HIS:CD2	1:A:38:HIS:CE1	0.40	3.09	10	1
1:A:82:ILE:HA	1:A:85:GLN:HE21	0.40	1.76	10	1
1:A:91:SER:OG	1:A:92:VAL:HG22	0.40	2.12	10	1
1:A:34:VAL:CG1	1:A:80:LEU:HA	0.40	2.46	6	1
1:A:18:PHE:HB3	1:A:25:ILE:HD12	0.40	1.92	16	1
1:A:62:THR:HG22	1:A:62:THR:O	0.40	2.16	16	1
1:A:84:LYS:CD	1:A:100:PHE:CE1	0.40	3.04	16	1
1:A:13:VAL:CG2	1:A:30:LYS:HE2	0.40	2.47	19	1
1:A:57:GLU:O	1:A:61:GLU:CB	0.40	2.67	4	1
1:A:63:HIS:C	1:A:76:THR:HG22	0.40	2.36	3	1
1:A:17:GLU:CA	1:A:18:PHE:CD1	0.40	3.04	10	2
1:A:29:LYS:HE2	1:A:30:LYS:HA	0.40	1.92	6	1
1:A:61:GLU:CD	1:A:82:ILE:CG2	0.40	2.78	16	1
1:A:15:VAL:CG2	1:A:26:MET:C	0.40	2.90	8	1
1:A:17:GLU:OE1	1:A:73:TYR:CE2	0.40	2.74	12	1
1:A:34:VAL:HG21	1:A:83:ALA:HB3	0.40	1.92	12	1
1:A:41:LYS:CD	1:A:41:LYS:C	0.40	2.90	1	1
1:A:74:GLN:NE2	1:A:77:TRP:CD2	0.40	2.88	1	1
1:A:41:LYS:HE2	1:A:41:LYS:H	0.40	1.69	15	1
1:A:26:MET:HB2	1:A:73:TYR:HB3	0.40	1.92	10	1
1:A:35:ASN:C	1:A:37:THR:H	0.40	2.19	10	1
1:A:20:HIS:HD2	1:A:99:LEU:CD1	0.40	2.23	18	1
1:A:92:VAL:O	1:A:96:LEU:HB2	0.40	2.17	16	1
1:A:50:ARG:HH22	1:A:53:ILE:HG21	0.40	1.75	8	1
1:A:41:LYS:C	1:A:41:LYS:CD	0.40	2.85	7	1
1:A:28:ARG:HD3	1:A:30:LYS:HD2	0.40	1.93	13	1
1:A:24:SER:OG	1:A:73:TYR:CE2	0.40	2.64	13	1
1:A:37:THR:CA	1:A:54:LEU:HD21	0.40	2.46	4	1
1:A:116:LYS:HE3	1:A:116:LYS:HA	0.40	1.94	4	1
1:A:46:ALA:HA	1:A:50:ARG:HB3	0.40	1.94	3	1
1:A:34:VAL:HG13	1:A:39:ILE:HD12	0.40	1.85	9	1
1:A:70:PHE:CE1	1:A:70:PHE:O	0.40	2.62	9	1
1:A:44:ASN:O	1:A:45:PHE:C	0.40	2.55	18	1
1:A:98:PRO:O	1:A:101:ASP:OD2	0.40	2.40	8	1

## 6.3 Torsion angles [i](#)

### 6.3.1 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 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	106/136 (78%)	85±2 (80±2%)	16±3 (15±3%)	6±1 (5±1%)	5	25
All	All	2014/2584 (78%)	1609 (80%)	300 (15%)	105 (5%)	5	25

All 12 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	89	LYS	19
1	A	45	PHE	18
1	A	88	GLU	17
1	A	93	TYR	13
1	A	36	ALA	11
1	A	91	SER	8
1	A	120	ALA	6
1	A	116	LYS	4
1	A	62	THR	3
1	A	98	PRO	3
1	A	32	ASP	2
1	A	4	GLN	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	92/115 (80%)	37±4 (40±5%)	55±4 (60±5%)	0	0
All	All	1748/2185 (80%)	707 (40%)	1041 (60%)	0	0

All 89 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	77	TRP	19
1	A	95	GLN	19
1	A	39	ILE	19
1	A	50	ARG	19
1	A	78	VAL	19
1	A	72	LYS	19
1	A	11	SER	18
1	A	40	LEU	17
1	A	74	GLN	17
1	A	9	ARG	17
1	A	55	GLU	17
1	A	88	GLU	17
1	A	89	LYS	16
1	A	97	LYS	16
1	A	58	VAL	16
1	A	94	ASP	15
1	A	93	TYR	15
1	A	41	LYS	15
1	A	96	LEU	15
1	A	28	ARG	15
1	A	67	GLN	14
1	A	22	THR	14
1	A	99	LEU	14
1	A	52	ARG	14
1	A	60	LYS	14
1	A	56	LYS	14
1	A	49	LYS	14
1	A	54	LEU	13
1	A	5	ILE	13
1	A	80	LEU	13
1	A	16	TYR	13
1	A	116	LYS	13
1	A	47	LYS	13
1	A	122	LYS	13
1	A	119	HIS	13
1	A	29	LYS	13
1	A	90	PHE	13
1	A	14	ASP	13
1	A	81	ASN	12
1	A	7	SER	12
1	A	85	GLN	12
1	A	44	ASN	12
1	A	63	HIS	12

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	82	ILE	12
1	A	27	LYS	12
1	A	18	PHE	12
1	A	70	PHE	12
1	A	84	LYS	12
1	A	38	HIS	12
1	A	34	VAL	11
1	A	73	TYR	11
1	A	65	LYS	11
1	A	33	TRP	11
1	A	124	ASP	11
1	A	92	VAL	11
1	A	118	HIS	11
1	A	17	GLU	10
1	A	76	THR	10
1	A	121	SER	10
1	A	32	ASP	10
1	A	35	ASN	10
1	A	31	ASP	10
1	A	30	LYS	10
1	A	62	THR	9
1	A	13	VAL	9
1	A	19	ILE	9
1	A	57	GLU	9
1	A	117	HIS	9
1	A	86	LEU	9
1	A	66	VAL	9
1	A	51	THR	9
1	A	15	VAL	8
1	A	61	GLU	8
1	A	91	SER	8
1	A	20	HIS	8
1	A	45	PHE	8
1	A	4	GLN	7
1	A	24	SER	7
1	A	123	VAL	6
1	A	100	PHE	6
1	A	21	SER	6
1	A	53	ILE	6
1	A	59	LEU	5
1	A	26	MET	5
1	A	6	TYR	5

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	10	TYR	4
1	A	101	ASP	4
1	A	25	ILE	4
1	A	64	GLU	4

### 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 [i](#)

The completeness of assignment taking into account all chemical shift lists is 47% for the well-defined parts and 47% for the entire structure.

### 7.1 Chemical shift list 1

File name: BMRB entry 4254

Chemical shift list name: *assigned\_chem\_shift\_list\_1*

#### 7.1.1 Bookkeeping [i](#)

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

Total number of shifts	856
Number of shifts mapped to atoms	856
Number of unparsed shifts	0
Number of shifts with mapping errors	0
Number of shifts with mapping warnings	0
Number of shift outliers (ShiftChecker)	0

#### 7.1.2 Chemical shift referencing [i](#)

The following table shows the suggested chemical shift referencing corrections.

Nucleus	# values	Correction $\pm$ precision, ppm	Suggested action
$^{13}\text{C}_\alpha$	122	$-0.31 \pm 0.14$	None needed ( $< 0.5$ ppm)
$^{13}\text{C}_\beta$	114	$0.47 \pm 0.14$	None needed ( $< 0.5$ ppm)
$^{13}\text{C}'$	0	—	—
$^{15}\text{N}$	114	$0.23 \pm 0.43$	None needed ( $< 0.5$ ppm)

#### 7.1.3 Completeness of resonance assignments [i](#)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the well-defined regions of the structure. The overall completeness is 47%, i.e. 656 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1387. 0 out of 15 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	$^1\text{H}$	$^{13}\text{C}$	$^{15}\text{N}$
Backbone	389/531 (73%)	190/212 (90%)	102/214 (48%)	97/105 (92%)
Sidechain	263/705 (37%)	155/415 (37%)	100/255 (39%)	8/35 (23%)

*Continued on next page...*

Continued from previous page...

	Total	<sup>1</sup> H	<sup>13</sup> C	<sup>15</sup> N
Aromatic	4/151 (3%)	2/81 (2%)	0/62 (0%)	2/8 (25%)
Overall	656/1387 (47%)	347/708 (49%)	202/531 (38%)	107/148 (72%)

The following table shows the completeness of the chemical shift assignments for the full structure. The overall completeness is 47%, i.e. 729 atoms were assigned a chemical shift out of a possible 1549. 0 out of 15 assigned methyl groups (LEU and VAL) were assigned stereospecifically.

	Total	<sup>1</sup> H	<sup>13</sup> C	<sup>15</sup> N
Backbone	429/603 (71%)	207/240 (86%)	115/246 (47%)	107/117 (91%)
Sidechain	296/786 (38%)	173/465 (37%)	113/284 (40%)	10/37 (27%)
Aromatic	4/160 (2%)	2/86 (2%)	0/66 (0%)	2/8 (25%)
Overall	729/1549 (47%)	382/791 (48%)	228/596 (38%)	119/162 (73%)

#### 7.1.4 Statistically unusual chemical shifts [i](#)

There are no statistically unusual chemical shifts.

#### 7.1.5 Random Coil Index (RCI) plots [i](#)

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

Random coil index (RCI) for chain A:

