Full wwPDB NMR Structure Validation Report (i)

Feb 19, 2018 – 11:45 am GMT

PDB ID	:	1RIP
Title	:	RIBOSOMAL PROTEIN S17: CHARACTERIZATION OF THE THREE-DIMENSIONAL STRUCTURE BY 1H-AND 15N-NMR
Authors	:	Golden, B.L.; Hoffman, D.W.; Ramakrishnan, V.; White, S.W.
Deposited on	:	1993-08-17

This is a Full wwPDB NMR Structure Validation Report for a publicly released PDB entry.

We welcome your comments at *validation@mail.wwpdb.org*
A user guide is available at
https://www.wwpdb.org/validation/2017/NMRValidationReportHelp
with specific help available everywhere you see the (i) symbol.

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

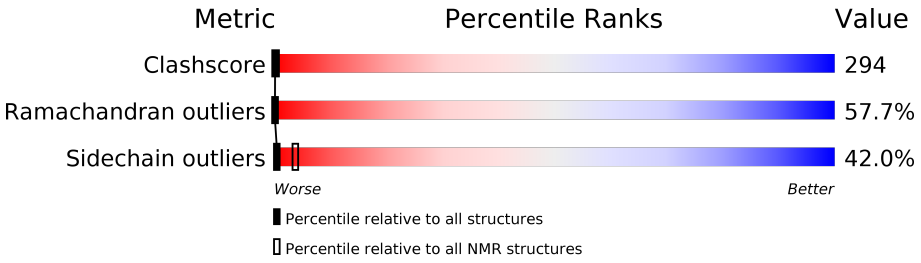
Cyrange	:	Kirchner and Güntert (2011)
NmrClust	:	Kelley et al. (1996)
MolProbity	:	4.02b-467
Percentile statistics	:	20171227.v01 (using entries in the PDB archive December 27th 2017)
RCI	:	v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV	:	Wang et al. (2010)
ShiftChecker	:	trunk30686
Ideal geometry (proteins)	:	Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA)	:	Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP)	:	trunk30686

1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:
SOLUTION NMR

The overall completeness of chemical shifts assignment was not calculated.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	NMR archive (#Entries)
Clashscore	136279	12091
Ramachandran outliers	132675	10835
Sidechain outliers	132484	10811

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 >=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 <=5%

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	81	26% 51% 20% .

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 6 models. Model 6 is the overall representative, medoid model (most similar to other models).

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

Well-defined (core) protein residues			
Well-defined core	**Residue range (total)**	**Backbone RMSD (Å)**	**Medoid model**
1	A:6-A:83 (78)	2.19	6

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 2 clusters. No single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	1, 2, 3, 6
2	4, 5

3 Entry composition (i)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 1394 atoms, of which 723 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called RIBOSOMAL PROTEIN S17.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
			Total	C	H	N	O	S	
1	A	81	1394	428	723	124	117	2	0

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: RIBOSOMAL PROTEIN S17

Chain A:

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

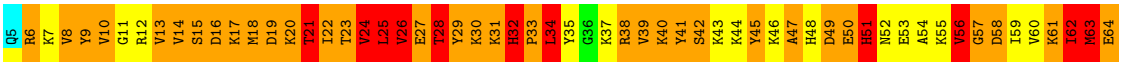
• Molecule 1: RIBOSOMAL PROTEIN S17

Chain A:

4.2.2 Score per residue for model 2

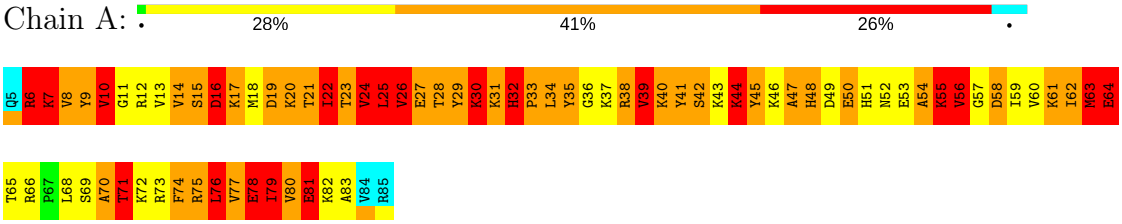
• Molecule 1: RIBOSOMAL PROTEIN S17

Chain A:



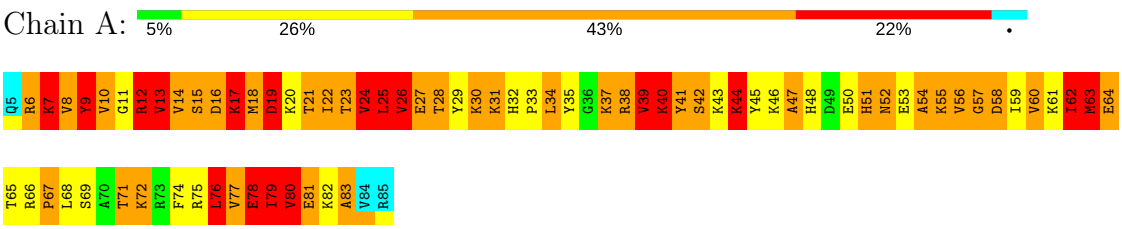
4.2.3 Score per residue for model 3

• Molecule 1: RIBOSOMAL PROTEIN S17



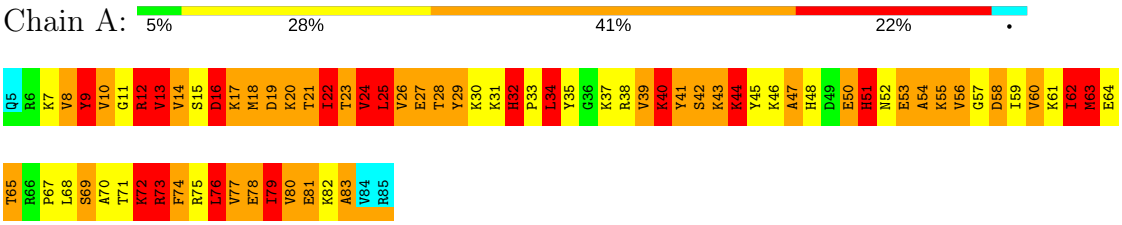
4.2.4 Score per residue for model 4

• Molecule 1: RIBOSOMAL PROTEIN S17



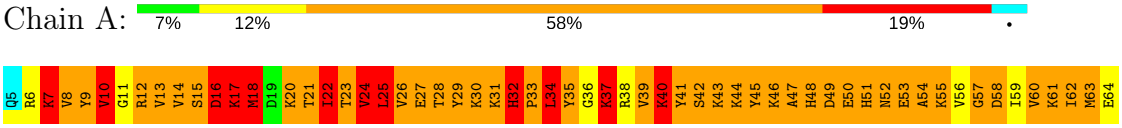
4.2.5 Score per residue for model 5

• Molecule 1: RIBOSOMAL PROTEIN S17



4.2.6 Score per residue for model 6 (medoid)

• Molecule 1: RIBOSOMAL PROTEIN S17




P67
L68
T71
K72
R73
F74
R75
L76
V77
E78
I79
V80
E81
K82
A83
V84
R85

5 Refinement protocol and experimental data overview

Of the ? calculated structures, 6 were deposited, based on the following criterion: *?*.

The authors did not provide any information on software used for structure solution, optimization or refinement.

No chemical shift data was provided. No validations of the models with respect to experimental NMR restraints is performed at this time.

6 Model quality

6.1 Standard geometry

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	#Z>5	RMSZ	#Z>5
1	A	1.16±0.03	0±0/654 (0.0±0.0%)	1.09±0.04	1±1/875 (0.1±0.1%)
All	All	1.16	0/3924 (0.0%)	1.09	5/5250 (0.1%)

There are no bond-length outliers.

All unique angle outliers are listed below. They are sorted according to the Z-score of the worst occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(^{o})	Ideal(^{o})	Models	
								Worst	Total
1	A	26	VAL	CB-CA-C	-7.19	97.74	111.40	2	2
1	A	9	TYR	CB-CG-CD2	-6.46	117.12	121.00	4	1
1	A	9	TYR	CB-CG-CD1	5.80	124.48	121.00	4	1
1	A	62	ILE	CA-C-N	5.24	128.72	117.20	5	1

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

6.2 Too-close contacts

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in each chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogen atoms added and optimized by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes averaged over the ensemble.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes
1	A	643	691	691	392±19
All	All	3858	4146	4146	2354

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 294.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:9:TYR:O	1:A:10:VAL:HG13	1.23	1.32	5	3
1:A:61:LYS:O	1:A:62:ILE:HG23	1.14	1.42	3	3
1:A:25:LEU:O	1:A:26:VAL:HG23	1.09	1.43	6	2
1:A:14:VAL:HG22	1:A:60:VAL:HG12	1.09	1.23	1	1
1:A:11:GLY:O	1:A:60:VAL:HG12	1.05	1.48	4	2
1:A:23:THR:O	1:A:24:VAL:HG12	1.04	1.50	5	5
1:A:25:LEU:O	1:A:26:VAL:HG22	1.03	1.51	4	4
1:A:62:ILE:N	1:A:76:LEU:HD22	1.02	1.69	2	1
1:A:29:TYR:CG	1:A:39:VAL:HG21	1.01	1.90	6	2
1:A:26:VAL:HB	1:A:45:TYR:CZ	1.01	1.91	6	5
1:A:60:VAL:HG23	1:A:79:ILE:O	1.01	1.56	4	2
1:A:26:VAL:HG23	1:A:45:TYR:CE2	1.00	1.90	4	2
1:A:15:SER:N	1:A:22:ILE:HG22	0.99	1.71	3	1
1:A:29:TYR:CD2	1:A:39:VAL:HG13	0.99	1.92	2	1
1:A:39:VAL:HG11	1:A:41:TYR:CD1	0.98	1.94	1	1
1:A:9:TYR:O	1:A:10:VAL:CG1	0.97	2.12	5	5
1:A:24:VAL:HG13	1:A:45:TYR:CB	0.97	1.89	5	3
1:A:14:VAL:HG22	1:A:60:VAL:CG1	0.97	1.90	1	1
1:A:24:VAL:CG2	1:A:60:VAL:HG11	0.97	1.89	2	1
1:A:9:TYR:CZ	1:A:45:TYR:CD2	0.96	2.53	1	1
1:A:9:TYR:CG	1:A:45:TYR:CE2	0.96	2.53	2	2
1:A:10:VAL:O	1:A:26:VAL:HG11	0.96	1.59	4	2
1:A:38:ARG:O	1:A:39:VAL:HG13	0.95	1.61	4	1
1:A:15:SER:CA	1:A:22:ILE:HG22	0.95	1.92	3	1
1:A:24:VAL:HG13	1:A:45:TYR:HB2	0.94	1.36	4	4
1:A:13:VAL:O	1:A:14:VAL:HG23	0.94	1.63	2	5
1:A:14:VAL:HG21	1:A:60:VAL:HB	0.93	1.38	5	1
1:A:26:VAL:HG23	1:A:45:TYR:CD2	0.93	1.99	4	2
1:A:7:LYS:O	1:A:8:VAL:HG22	0.92	1.64	5	5
1:A:76:LEU:HD23	1:A:77:VAL:HG22	0.92	1.37	2	1
1:A:28:THR:HG22	1:A:41:TYR:O	0.92	1.65	6	1
1:A:24:VAL:HG13	1:A:45:TYR:CD1	0.92	1.98	1	1
1:A:13:VAL:O	1:A:60:VAL:HG23	0.92	1.63	5	1
1:A:61:LYS:HE3	1:A:76:LEU:HD21	0.92	1.42	2	1
1:A:76:LEU:O	1:A:77:VAL:HG13	0.92	1.62	2	2
1:A:14:VAL:HG22	1:A:60:VAL:HG23	0.91	1.40	2	1
1:A:60:VAL:O	1:A:79:ILE:HG22	0.91	1.64	3	2
1:A:7:LYS:O	1:A:8:VAL:HG13	0.91	1.66	6	5
1:A:11:GLY:HA2	1:A:24:VAL:CG2	0.91	1.95	3	2
1:A:24:VAL:HB	1:A:60:VAL:HG21	0.91	1.40	2	1
1:A:13:VAL:HG21	1:A:25:LEU:HD23	0.91	1.43	3	1
1:A:45:TYR:N	1:A:45:TYR:CD1	0.91	2.34	3	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:62:ILE:CG1	1:A:62:ILE:O	0.90	2.17	5	1
1:A:9:TYR:O	1:A:10:VAL:HG12	0.90	1.65	3	2
1:A:25:LEU:HD23	1:A:43:LYS:CB	0.90	1.97	5	1
1:A:59:ILE:HG22	1:A:80:VAL:CG1	0.90	1.96	5	1
1:A:25:LEU:O	1:A:26:VAL:CG2	0.89	2.19	6	6
1:A:63:MET:CE	1:A:76:LEU:HD12	0.89	1.97	3	1
1:A:44:LYS:C	1:A:45:TYR:CD1	0.88	2.45	5	5
1:A:62:ILE:O	1:A:62:ILE:CD1	0.88	2.22	5	1
1:A:62:ILE:HA	1:A:76:LEU:HB3	0.88	1.46	3	3
1:A:61:LYS:C	1:A:62:ILE:HG22	0.87	1.87	4	3
1:A:76:LEU:HD13	1:A:76:LEU:O	0.87	1.67	6	1
1:A:24:VAL:HG23	1:A:60:VAL:HG11	0.87	1.45	2	1
1:A:29:TYR:CD2	1:A:39:VAL:HG11	0.87	2.03	5	2
1:A:10:VAL:O	1:A:26:VAL:CG2	0.87	2.23	3	3
1:A:9:TYR:O	1:A:10:VAL:HG22	0.87	1.70	6	3
1:A:62:ILE:O	1:A:62:ILE:HD13	0.87	1.70	5	1
1:A:10:VAL:C	1:A:26:VAL:HG21	0.86	1.90	4	2
1:A:76:LEU:O	1:A:77:VAL:HG23	0.86	1.70	5	2
1:A:11:GLY:O	1:A:24:VAL:HG23	0.86	1.70	1	2
1:A:14:VAL:HG21	1:A:60:VAL:CB	0.86	2.00	5	1
1:A:26:VAL:O	1:A:26:VAL:HG12	0.86	1.71	1	1
1:A:10:VAL:HB	1:A:61:LYS:HA	0.86	1.46	5	4
1:A:14:VAL:HG22	1:A:60:VAL:CG2	0.86	1.99	2	1
1:A:12:ARG:C	1:A:13:VAL:HG23	0.86	1.88	6	2
1:A:15:SER:O	1:A:16:ASP:HB3	0.85	1.69	1	5
1:A:60:VAL:HG13	1:A:61:LYS:N	0.85	1.86	4	3
1:A:59:ILE:HG22	1:A:80:VAL:HG13	0.85	1.49	5	1
1:A:26:VAL:HB	1:A:45:TYR:CE2	0.85	2.07	2	2
1:A:25:LEU:HD12	1:A:26:VAL:N	0.85	1.87	3	1
1:A:21:THR:HG21	1:A:49:ASP:OD1	0.85	1.72	6	1
1:A:38:ARG:O	1:A:39:VAL:HG12	0.85	1.72	3	3
1:A:45:TYR:HD2	1:A:62:ILE:HD12	0.84	1.30	5	1
1:A:58:ASP:CB	1:A:80:VAL:HG23	0.84	2.02	3	1
1:A:32:HIS:HB2	1:A:33:PRO:HD3	0.84	1.50	3	5
1:A:15:SER:OG	1:A:56:VAL:HG22	0.84	1.73	5	1
1:A:79:ILE:O	1:A:80:VAL:HG13	0.84	1.73	4	1
1:A:11:GLY:C	1:A:60:VAL:HG12	0.83	1.94	2	1
1:A:10:VAL:O	1:A:24:VAL:CG2	0.83	2.26	3	2
1:A:62:ILE:HA	1:A:76:LEU:CB	0.83	2.03	1	2
1:A:26:VAL:CG2	1:A:45:TYR:CE2	0.83	2.62	4	4
1:A:62:ILE:O	1:A:62:ILE:CG1	0.82	2.27	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:62:ILE:HD12	1:A:63:MET:N	0.82	1.90	1	3
1:A:43:LYS:O	1:A:44:LYS:HB3	0.82	1.72	2	3
1:A:24:VAL:HG22	1:A:25:LEU:H	0.81	1.35	1	4
1:A:13:VAL:O	1:A:14:VAL:CG2	0.81	2.29	2	5
1:A:60:VAL:HG22	1:A:61:LYS:H	0.81	1.35	2	3
1:A:9:TYR:C	1:A:10:VAL:HG12	0.81	1.96	1	3
1:A:64:GLU:HB2	1:A:74:PHE:CB	0.80	2.07	6	1
1:A:9:TYR:CD2	1:A:45:TYR:CD1	0.80	2.70	6	2
1:A:25:LEU:HD23	1:A:43:LYS:HB3	0.80	1.53	5	1
1:A:21:THR:O	1:A:22:ILE:HB	0.80	1.74	3	4
1:A:55:LYS:O	1:A:56:VAL:HG22	0.80	1.76	3	2
1:A:62:ILE:O	1:A:63:MET:CG	0.80	2.29	5	5
1:A:45:TYR:CD2	1:A:62:ILE:HD12	0.80	2.10	5	1
1:A:76:LEU:O	1:A:77:VAL:HG22	0.80	1.75	1	2
1:A:61:LYS:O	1:A:62:ILE:CG2	0.80	2.29	3	6
1:A:59:ILE:CG2	1:A:80:VAL:HG13	0.80	2.06	5	1
1:A:13:VAL:HG12	1:A:57:GLY:CA	0.80	2.07	5	1
1:A:11:GLY:C	1:A:24:VAL:HG23	0.80	1.98	1	4
1:A:29:TYR:CD2	1:A:39:VAL:HG21	0.80	2.12	6	3
1:A:59:ILE:HB	1:A:80:VAL:HG12	0.79	1.54	2	2
1:A:40:LYS:O	1:A:41:TYR:HB2	0.79	1.78	3	6
1:A:12:ARG:O	1:A:13:VAL:HG23	0.79	1.76	1	3
1:A:63:MET:SD	1:A:76:LEU:HD12	0.79	2.18	6	1
1:A:10:VAL:CB	1:A:61:LYS:HA	0.79	2.07	4	6
1:A:79:ILE:O	1:A:80:VAL:HG22	0.79	1.77	4	1
1:A:62:ILE:O	1:A:63:MET:CB	0.79	2.25	5	6
1:A:12:ARG:N	1:A:24:VAL:HG23	0.79	1.92	6	1
1:A:32:HIS:CD2	1:A:33:PRO:HD2	0.79	2.12	3	4
1:A:22:ILE:O	1:A:23:THR:OG1	0.79	2.00	1	6
1:A:9:TYR:CD1	1:A:45:TYR:CE1	0.79	2.71	3	2
1:A:23:THR:OG1	1:A:47:ALA:HB3	0.79	1.78	3	1
1:A:11:GLY:H	1:A:61:LYS:CA	0.79	1.90	6	2
1:A:55:LYS:O	1:A:56:VAL:HG13	0.78	1.78	2	1
1:A:53:GLU:HB2	1:A:56:VAL:HG12	0.78	1.53	3	1
1:A:62:ILE:HD12	1:A:63:MET:H	0.78	1.38	1	3
1:A:12:ARG:O	1:A:13:VAL:CG2	0.78	2.32	3	5
1:A:11:GLY:HA2	1:A:24:VAL:HG21	0.78	1.54	6	1
1:A:76:LEU:HD23	1:A:77:VAL:HG12	0.78	1.54	3	1
1:A:10:VAL:HG23	1:A:60:VAL:O	0.78	1.77	1	1
1:A:9:TYR:CD2	1:A:45:TYR:CG	0.77	2.72	3	2
1:A:63:MET:HG2	1:A:75:ARG:O	0.77	1.79	5	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:60:VAL:HG13	1:A:61:LYS:H	0.77	1.37	4	2
1:A:9:TYR:CD2	1:A:45:TYR:CZ	0.77	2.72	4	1
1:A:44:LYS:O	1:A:45:TYR:CD1	0.77	2.37	2	2
1:A:43:LYS:O	1:A:44:LYS:HG3	0.77	1.80	6	3
1:A:23:THR:HG22	1:A:24:VAL:H	0.77	1.39	6	3
1:A:13:VAL:HG11	1:A:16:ASP:CB	0.77	2.09	6	2
1:A:39:VAL:HG11	1:A:41:TYR:CE1	0.77	2.14	1	1
1:A:9:TYR:CZ	1:A:45:TYR:CG	0.76	2.73	4	2
1:A:74:PHE:CE1	1:A:76:LEU:HD22	0.76	2.15	1	1
1:A:12:ARG:O	1:A:13:VAL:HG22	0.76	1.81	3	1
1:A:10:VAL:O	1:A:26:VAL:HG21	0.76	1.81	6	2
1:A:24:VAL:HG13	1:A:45:TYR:HD1	0.76	1.39	1	1
1:A:62:ILE:O	1:A:62:ILE:HG12	0.76	1.81	4	1
1:A:20:LYS:O	1:A:21:THR:HG23	0.76	1.79	6	4
1:A:9:TYR:CE2	1:A:45:TYR:CD1	0.76	2.73	4	3
1:A:76:LEU:HD22	1:A:77:VAL:N	0.76	1.95	6	1
1:A:8:VAL:HG12	1:A:75:ARG:CD	0.76	2.11	5	1
1:A:76:LEU:HD23	1:A:77:VAL:CG1	0.76	2.09	3	1
1:A:8:VAL:HG23	1:A:9:TYR:N	0.76	1.96	4	3
1:A:23:THR:HA	1:A:45:TYR:O	0.76	1.79	2	3
1:A:15:SER:CB	1:A:56:VAL:HG22	0.76	2.10	5	1
1:A:63:MET:HE2	1:A:76:LEU:HD12	0.76	1.56	3	1
1:A:10:VAL:CG2	1:A:26:VAL:HG11	0.75	2.11	6	1
1:A:39:VAL:HG12	1:A:40:LYS:N	0.75	1.95	1	1
1:A:68:LEU:HD23	1:A:69:SER:N	0.75	1.97	2	2
1:A:75:ARG:O	1:A:76:LEU:HB2	0.75	1.81	5	2
1:A:9:TYR:C	1:A:10:VAL:HG22	0.75	2.01	4	3
1:A:62:ILE:CD1	1:A:63:MET:H	0.75	1.93	2	4
1:A:62:ILE:HD13	1:A:63:MET:H	0.75	1.41	2	1
1:A:10:VAL:HG13	1:A:26:VAL:HG21	0.75	1.58	3	1
1:A:27:GLU:C	1:A:28:THR:HG22	0.74	2.01	1	4
1:A:60:VAL:HG22	1:A:61:LYS:N	0.74	1.96	1	2
1:A:38:ARG:O	1:A:39:VAL:CG1	0.74	2.34	4	4
1:A:9:TYR:CE2	1:A:64:GLU:CB	0.74	2.69	4	1
1:A:9:TYR:HB2	1:A:63:MET:HA	0.74	1.58	3	3
1:A:62:ILE:HG12	1:A:62:ILE:O	0.74	1.82	5	1
1:A:21:THR:HG21	1:A:48:HIS:CD2	0.74	2.18	2	2
1:A:43:LYS:O	1:A:44:LYS:CG	0.74	2.36	6	3
1:A:76:LEU:CD2	1:A:77:VAL:HG12	0.74	2.12	3	1
1:A:10:VAL:HG12	1:A:62:ILE:H	0.74	1.41	4	1
1:A:9:TYR:CE1	1:A:45:TYR:CD2	0.73	2.75	1	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:46:LYS:O	1:A:47:ALA:HB2	0.73	1.82	5	6
1:A:10:VAL:O	1:A:24:VAL:HG23	0.73	1.81	3	1
1:A:24:VAL:O	1:A:25:LEU:HB2	0.73	1.83	6	4
1:A:45:TYR:O	1:A:46:LYS:O	0.73	2.05	1	1
1:A:12:ARG:C	1:A:13:VAL:CG2	0.73	2.57	1	6
1:A:14:VAL:HG13	1:A:47:ALA:CB	0.73	2.13	2	2
1:A:9:TYR:CE1	1:A:45:TYR:CE2	0.73	2.77	1	1
1:A:76:LEU:O	1:A:77:VAL:CG1	0.73	2.37	2	3
1:A:24:VAL:O	1:A:25:LEU:CB	0.73	2.36	6	6
1:A:15:SER:CB	1:A:56:VAL:HG13	0.73	2.14	5	1
1:A:22:ILE:O	1:A:23:THR:HG23	0.73	1.84	2	1
1:A:44:LYS:C	1:A:45:TYR:CG	0.72	2.63	1	2
1:A:61:LYS:CE	1:A:76:LEU:HD21	0.72	2.14	2	1
1:A:28:THR:O	1:A:40:LYS:CB	0.72	2.38	1	2
1:A:56:VAL:O	1:A:58:ASP:N	0.72	2.22	6	4
1:A:61:LYS:CE	1:A:77:VAL:HG11	0.72	2.15	4	3
1:A:78:GLU:O	1:A:79:ILE:HG23	0.72	1.83	6	2
1:A:9:TYR:CE1	1:A:62:ILE:HD11	0.72	2.19	1	1
1:A:79:ILE:O	1:A:80:VAL:HG23	0.72	1.83	2	2
1:A:9:TYR:CD2	1:A:45:TYR:CE1	0.72	2.77	4	2
1:A:7:LYS:O	1:A:8:VAL:CG2	0.72	2.38	5	6
1:A:13:VAL:HG21	1:A:25:LEU:HB2	0.72	1.59	1	1
1:A:26:VAL:CG2	1:A:45:TYR:CD2	0.72	2.72	2	2
1:A:10:VAL:HG23	1:A:61:LYS:HA	0.72	1.59	3	2
1:A:22:ILE:HG23	1:A:24:VAL:H	0.71	1.44	3	1
1:A:24:VAL:CG1	1:A:45:TYR:HB2	0.71	2.14	4	5
1:A:79:ILE:C	1:A:80:VAL:HG22	0.71	2.05	4	1
1:A:14:VAL:HG13	1:A:47:ALA:HB3	0.71	1.60	5	2
1:A:78:GLU:C	1:A:79:ILE:HG23	0.71	2.05	6	2
1:A:8:VAL:O	1:A:9:TYR:CD1	0.71	2.43	2	3
1:A:24:VAL:O	1:A:25:LEU:HD12	0.71	1.85	5	1
1:A:11:GLY:HA2	1:A:24:VAL:HG23	0.71	1.60	3	1
1:A:76:LEU:O	1:A:77:VAL:CG2	0.71	2.38	5	4
1:A:64:GLU:HB3	1:A:74:PHE:CB	0.71	2.15	2	2
1:A:7:LYS:O	1:A:8:VAL:CG1	0.71	2.39	6	5
1:A:26:VAL:HB	1:A:45:TYR:OH	0.71	1.84	6	3
1:A:11:GLY:H	1:A:61:LYS:N	0.71	1.84	6	2
1:A:24:VAL:C	1:A:25:LEU:HD13	0.71	2.06	6	1
1:A:60:VAL:HA	1:A:79:ILE:C	0.71	2.05	1	5
1:A:12:ARG:O	1:A:24:VAL:HA	0.71	1.86	2	6
1:A:9:TYR:CG	1:A:45:TYR:CE1	0.71	2.78	6	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:13:VAL:C	1:A:14:VAL:HG23	0.71	2.04	3	3
1:A:44:LYS:O	1:A:45:TYR:CD2	0.71	2.44	1	1
1:A:59:ILE:O	1:A:80:VAL:O	0.70	2.08	5	3
1:A:9:TYR:CE2	1:A:64:GLU:CG	0.70	2.74	4	1
1:A:59:ILE:C	1:A:80:VAL:HG12	0.70	2.06	5	1
1:A:14:VAL:CG2	1:A:60:VAL:CB	0.70	2.70	4	3
1:A:61:LYS:HD3	1:A:77:VAL:HG23	0.70	1.63	1	1
1:A:23:THR:O	1:A:24:VAL:CG1	0.70	2.35	5	5
1:A:29:TYR:O	1:A:42:SER:N	0.70	2.24	1	1
1:A:74:PHE:CD1	1:A:74:PHE:N	0.70	2.58	6	1
1:A:22:ILE:O	1:A:23:THR:CB	0.70	2.39	3	6
1:A:55:LYS:C	1:A:56:VAL:HG22	0.70	2.07	2	2
1:A:12:ARG:O	1:A:24:VAL:O	0.70	2.09	2	1
1:A:9:TYR:CE2	1:A:45:TYR:CE1	0.69	2.80	4	1
1:A:28:THR:O	1:A:41:TYR:CD2	0.69	2.45	6	1
1:A:24:VAL:HG11	1:A:62:ILE:CB	0.69	2.16	5	1
1:A:64:GLU:HB2	1:A:74:PHE:HA	0.69	1.62	3	2
1:A:14:VAL:CG2	1:A:60:VAL:HG21	0.69	2.17	4	1
1:A:28:THR:O	1:A:41:TYR:N	0.69	2.25	1	2
1:A:63:MET:HB3	1:A:74:PHE:HB3	0.69	1.62	4	1
1:A:9:TYR:CD1	1:A:45:TYR:CE2	0.69	2.80	4	2
1:A:21:THR:O	1:A:22:ILE:HG22	0.69	1.86	1	3
1:A:24:VAL:CB	1:A:60:VAL:HG21	0.69	2.17	2	1
1:A:76:LEU:C	1:A:77:VAL:HG22	0.69	2.08	1	1
1:A:10:VAL:HA	1:A:61:LYS:HA	0.69	1.65	2	2
1:A:26:VAL:O	1:A:42:SER:OG	0.69	2.09	1	1
1:A:11:GLY:HA2	1:A:59:ILE:HG23	0.69	1.64	1	1
1:A:12:ARG:O	1:A:24:VAL:CA	0.69	2.40	4	5
1:A:28:THR:O	1:A:29:TYR:HB3	0.69	1.87	3	4
1:A:9:TYR:CD1	1:A:45:TYR:CZ	0.69	2.80	2	4
1:A:75:ARG:O	1:A:76:LEU:HB3	0.69	1.85	1	3
1:A:9:TYR:CE1	1:A:45:TYR:CE1	0.69	2.81	3	3
1:A:33:PRO:O	1:A:34:LEU:HD23	0.69	1.88	5	1
1:A:76:LEU:HD23	1:A:76:LEU:C	0.69	2.07	2	1
1:A:24:VAL:HB	1:A:60:VAL:CG2	0.69	2.18	2	1
1:A:62:ILE:CG1	1:A:63:MET:H	0.69	2.01	2	1
1:A:39:VAL:HG12	1:A:41:TYR:N	0.69	2.02	1	2
1:A:9:TYR:CZ	1:A:62:ILE:CD1	0.69	2.76	1	2
1:A:8:VAL:O	1:A:9:TYR:CG	0.69	2.46	6	3
1:A:61:LYS:C	1:A:62:ILE:CG2	0.68	2.61	4	3
1:A:13:VAL:O	1:A:14:VAL:CB	0.68	2.41	5	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:80:VAL:O	1:A:81:GLU:CB	0.68	2.42	5	3
1:A:62:ILE:CD1	1:A:62:ILE:O	0.68	2.42	4	1
1:A:26:VAL:N	1:A:45:TYR:CE1	0.68	2.60	5	1
1:A:24:VAL:CG2	1:A:25:LEU:H	0.68	2.01	4	4
1:A:46:LYS:O	1:A:62:ILE:CG1	0.68	2.41	5	1
1:A:9:TYR:CZ	1:A:45:TYR:CE2	0.68	2.81	1	1
1:A:62:ILE:HG22	1:A:76:LEU:CB	0.68	2.18	1	1
1:A:41:TYR:O	1:A:42:SER:CB	0.68	2.40	5	6
1:A:28:THR:O	1:A:29:TYR:HB2	0.68	1.87	2	1
1:A:62:ILE:O	1:A:63:MET:HG3	0.68	1.88	4	2
1:A:79:ILE:C	1:A:80:VAL:HG12	0.68	2.07	3	2
1:A:26:VAL:CB	1:A:45:TYR:CE2	0.68	2.76	2	2
1:A:58:ASP:HB3	1:A:80:VAL:HG23	0.68	1.66	3	1
1:A:9:TYR:CE1	1:A:62:ILE:CD1	0.68	2.77	1	2
1:A:62:ILE:HG13	1:A:74:PHE:CD1	0.68	2.24	2	1
1:A:10:VAL:HG12	1:A:61:LYS:HB3	0.67	1.64	5	2
1:A:64:GLU:CG	1:A:75:ARG:N	0.67	2.58	6	1
1:A:39:VAL:HG22	1:A:40:LYS:N	0.67	2.03	4	2
1:A:8:VAL:HG12	1:A:63:MET:SD	0.67	2.29	1	1
1:A:39:VAL:CG1	1:A:41:TYR:CE1	0.67	2.78	6	1
1:A:10:VAL:HA	1:A:62:ILE:N	0.67	2.04	3	3
1:A:76:LEU:CD2	1:A:77:VAL:HG22	0.67	2.18	2	1
1:A:32:HIS:CE1	1:A:39:VAL:CG2	0.67	2.78	1	1
1:A:10:VAL:HG12	1:A:62:ILE:N	0.67	2.03	4	1
1:A:14:VAL:CG2	1:A:57:GLY:HA3	0.67	2.20	6	1
1:A:61:LYS:O	1:A:62:ILE:HG22	0.67	1.88	4	3
1:A:20:LYS:C	1:A:21:THR:HG23	0.67	2.10	1	3
1:A:63:MET:HB3	1:A:75:ARG:N	0.67	2.05	5	2
1:A:23:THR:HG22	1:A:24:VAL:N	0.67	2.04	1	4
1:A:60:VAL:HA	1:A:79:ILE:CA	0.67	2.21	6	2
1:A:60:VAL:O	1:A:79:ILE:N	0.67	2.28	5	3
1:A:44:LYS:CG	1:A:44:LYS:O	0.67	2.42	5	1
1:A:13:VAL:O	1:A:14:VAL:HB	0.66	1.90	6	4
1:A:23:THR:O	1:A:24:VAL:HB	0.66	1.89	1	3
1:A:38:ARG:O	1:A:39:VAL:HB	0.66	1.87	1	4
1:A:9:TYR:CG	1:A:45:TYR:CZ	0.66	2.82	4	3
1:A:24:VAL:O	1:A:25:LEU:CG	0.66	2.44	5	2
1:A:50:GLU:O	1:A:51:HIS:HB2	0.66	1.90	3	4
1:A:25:LEU:HD13	1:A:44:LYS:HD3	0.66	1.66	3	1
1:A:14:VAL:O	1:A:23:THR:N	0.66	2.28	4	4
1:A:13:VAL:O	1:A:57:GLY:CA	0.66	2.43	1	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:53:GLU:O	1:A:54:ALA:HB3	0.66	1.90	2	1
1:A:9:TYR:O	1:A:10:VAL:CG2	0.66	2.43	6	3
1:A:9:TYR:CE1	1:A:45:TYR:CG	0.66	2.84	1	2
1:A:10:VAL:O	1:A:26:VAL:CG1	0.66	2.44	2	1
1:A:12:ARG:CB	1:A:25:LEU:O	0.66	2.44	4	3
1:A:12:ARG:O	1:A:24:VAL:CB	0.66	2.43	5	1
1:A:23:THR:CG2	1:A:45:TYR:HB2	0.66	2.20	1	1
1:A:58:ASP:HB2	1:A:80:VAL:HG23	0.66	1.64	3	1
1:A:10:VAL:CA	1:A:61:LYS:HA	0.66	2.21	5	6
1:A:75:ARG:O	1:A:76:LEU:CB	0.66	2.44	6	4
1:A:38:ARG:C	1:A:39:VAL:HG12	0.66	2.09	3	3
1:A:20:LYS:O	1:A:21:THR:CB	0.66	2.44	5	6
1:A:20:LYS:O	1:A:21:THR:HG22	0.66	1.91	5	2
1:A:60:VAL:O	1:A:78:GLU:HA	0.66	1.90	5	1
1:A:14:VAL:HG13	1:A:47:ALA:HB1	0.66	1.68	2	1
1:A:29:TYR:CD1	1:A:39:VAL:HG23	0.66	2.26	3	1
1:A:13:VAL:HG11	1:A:16:ASP:HB2	0.66	1.66	6	2
1:A:9:TYR:CE1	1:A:26:VAL:CG1	0.66	2.79	5	1
1:A:18:MET:O	1:A:18:MET:HG3	0.66	1.91	1	3
1:A:39:VAL:CG1	1:A:41:TYR:CD1	0.66	2.77	1	1
1:A:28:THR:N	1:A:43:LYS:N	0.66	2.44	1	1
1:A:32:HIS:CB	1:A:33:PRO:CD	0.65	2.74	6	5
1:A:62:ILE:HD13	1:A:62:ILE:C	0.65	2.12	5	1
1:A:24:VAL:HG13	1:A:45:TYR:HB3	0.65	1.66	5	1
1:A:26:VAL:CG1	1:A:26:VAL:O	0.65	2.42	1	1
1:A:29:TYR:CD1	1:A:30:LYS:N	0.65	2.63	1	1
1:A:62:ILE:HA	1:A:76:LEU:HD23	0.65	1.66	5	2
1:A:25:LEU:C	1:A:26:VAL:CG2	0.65	2.65	4	4
1:A:20:LYS:O	1:A:21:THR:CG2	0.65	2.45	6	6
1:A:13:VAL:HG23	1:A:24:VAL:CA	0.65	2.21	5	3
1:A:64:GLU:CB	1:A:74:PHE:HA	0.65	2.22	6	2
1:A:32:HIS:CG	1:A:33:PRO:CD	0.65	2.80	2	5
1:A:27:GLU:O	1:A:28:THR:HG22	0.65	1.91	6	3
1:A:12:ARG:O	1:A:24:VAL:HG23	0.65	1.92	5	2
1:A:13:VAL:HG23	1:A:24:VAL:HA	0.65	1.66	5	2
1:A:48:HIS:CG	1:A:49:ASP:N	0.65	2.62	1	1
1:A:10:VAL:HB	1:A:61:LYS:CG	0.65	2.21	5	2
1:A:39:VAL:O	1:A:40:LYS:CB	0.65	2.43	5	6
1:A:25:LEU:CA	1:A:44:LYS:HG2	0.65	2.22	6	2
1:A:32:HIS:CG	1:A:33:PRO:HD2	0.65	2.26	2	5
1:A:39:VAL:HG12	1:A:41:TYR:H	0.65	1.51	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:63:MET:HG3	1:A:75:ARG:O	0.65	1.92	3	2
1:A:10:VAL:HG21	1:A:61:LYS:HD3	0.65	1.67	4	1
1:A:24:VAL:CG1	1:A:45:TYR:C	0.65	2.65	6	1
1:A:11:GLY:CA	1:A:24:VAL:HG23	0.65	2.22	3	2
1:A:62:ILE:HG13	1:A:74:PHE:CG	0.65	2.27	2	1
1:A:29:TYR:CE2	1:A:30:LYS:CD	0.65	2.80	3	1
1:A:15:SER:O	1:A:23:THR:HB	0.65	1.91	6	3
1:A:26:VAL:O	1:A:27:GLU:O	0.65	2.15	5	1
1:A:63:MET:O	1:A:64:GLU:CB	0.65	2.45	1	3
1:A:13:VAL:HG21	1:A:25:LEU:CB	0.65	2.21	1	1
1:A:31:LYS:O	1:A:32:HIS:CD2	0.64	2.49	6	4
1:A:15:SER:HB3	1:A:56:VAL:HG13	0.64	1.68	5	1
1:A:63:MET:CB	1:A:74:PHE:HB3	0.64	2.23	4	1
1:A:7:LYS:C	1:A:8:VAL:HG13	0.64	2.13	5	3
1:A:44:LYS:O	1:A:45:TYR:CG	0.64	2.51	2	2
1:A:29:TYR:CD1	1:A:39:VAL:CG2	0.64	2.81	3	1
1:A:40:LYS:O	1:A:41:TYR:CG	0.64	2.50	5	2
1:A:46:LYS:O	1:A:47:ALA:CB	0.64	2.45	1	6
1:A:76:LEU:HD22	1:A:76:LEU:C	0.64	2.12	6	1
1:A:76:LEU:C	1:A:76:LEU:HD13	0.64	2.12	6	1
1:A:44:LYS:HG3	1:A:45:TYR:N	0.64	2.08	2	1
1:A:64:GLU:HB3	1:A:74:PHE:HB3	0.64	1.69	2	1
1:A:45:TYR:CD1	1:A:45:TYR:N	0.64	2.62	4	1
1:A:61:LYS:O	1:A:62:ILE:CB	0.64	2.46	5	4
1:A:13:VAL:O	1:A:57:GLY:HA3	0.64	1.93	6	4
1:A:33:PRO:O	1:A:34:LEU:CB	0.64	2.46	4	6
1:A:9:TYR:OH	1:A:45:TYR:CD2	0.64	2.51	1	1
1:A:79:ILE:O	1:A:80:VAL:CB	0.64	2.46	3	6
1:A:60:VAL:O	1:A:61:LYS:HB2	0.64	1.92	5	4
1:A:78:GLU:O	1:A:79:ILE:HB	0.64	1.93	4	3
1:A:62:ILE:HG22	1:A:76:LEU:HB3	0.64	1.68	1	1
1:A:57:GLY:O	1:A:58:ASP:CB	0.63	2.46	2	4
1:A:16:ASP:O	1:A:17:LYS:CB	0.63	2.46	1	6
1:A:24:VAL:CG1	1:A:45:TYR:CB	0.63	2.75	5	2
1:A:10:VAL:O	1:A:24:VAL:HG21	0.63	1.92	6	1
1:A:64:GLU:O	1:A:64:GLU:CG	0.63	2.46	1	1
1:A:9:TYR:CD2	1:A:65:THR:HG22	0.63	2.28	3	1
1:A:9:TYR:OH	1:A:62:ILE:CD1	0.63	2.47	4	2
1:A:79:ILE:HG23	1:A:80:VAL:N	0.63	2.08	2	3
1:A:76:LEU:O	1:A:77:VAL:HB	0.63	1.93	6	2
1:A:63:MET:CB	1:A:74:PHE:HB2	0.63	2.23	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:23:THR:CA	1:A:45:TYR:O	0.63	2.45	2	2
1:A:8:VAL:HG12	1:A:75:ARG:HB2	0.63	1.68	4	1
1:A:9:TYR:O	1:A:10:VAL:CB	0.63	2.46	1	6
1:A:23:THR:C	1:A:24:VAL:HG12	0.63	2.12	3	2
1:A:13:VAL:HA	1:A:57:GLY:HA2	0.63	1.69	3	2
1:A:10:VAL:N	1:A:45:TYR:CE2	0.63	2.67	6	2
1:A:29:TYR:CD2	1:A:39:VAL:CG1	0.63	2.79	2	2
1:A:14:VAL:HB	1:A:57:GLY:HA3	0.63	1.71	4	4
1:A:23:THR:CA	1:A:46:LYS:HA	0.63	2.24	6	4
1:A:13:VAL:O	1:A:57:GLY:N	0.63	2.32	6	2
1:A:29:TYR:CD2	1:A:39:VAL:CG2	0.63	2.81	6	2
1:A:8:VAL:CA	1:A:63:MET:HG2	0.63	2.23	6	1
1:A:8:VAL:HG12	1:A:75:ARG:CG	0.63	2.23	5	1
1:A:62:ILE:CG1	1:A:74:PHE:CG	0.63	2.81	2	1
1:A:60:VAL:O	1:A:61:LYS:CG	0.63	2.47	4	2
1:A:28:THR:O	1:A:29:TYR:CB	0.63	2.47	6	6
1:A:21:THR:HA	1:A:48:HIS:CG	0.63	2.29	1	1
1:A:62:ILE:HA	1:A:76:LEU:CA	0.63	2.24	1	1
1:A:29:TYR:CD2	1:A:30:LYS:N	0.63	2.67	6	2
1:A:12:ARG:C	1:A:13:VAL:HG22	0.63	2.14	3	3
1:A:25:LEU:HD12	1:A:25:LEU:C	0.63	2.14	3	1
1:A:27:GLU:O	1:A:28:THR:CB	0.62	2.46	6	6
1:A:25:LEU:CB	1:A:44:LYS:HG2	0.62	2.24	6	2
1:A:59:ILE:O	1:A:80:VAL:N	0.62	2.32	6	4
1:A:8:VAL:O	1:A:63:MET:HA	0.62	1.94	2	1
1:A:14:VAL:CG2	1:A:60:VAL:HG12	0.62	2.14	1	1
1:A:17:LYS:O	1:A:18:MET:HB2	0.62	1.93	4	5
1:A:14:VAL:HB	1:A:57:GLY:CA	0.62	2.24	4	2
1:A:62:ILE:HD13	1:A:62:ILE:O	0.62	1.94	4	1
1:A:43:LYS:O	1:A:44:LYS:CB	0.62	2.47	3	6
1:A:9:TYR:CE2	1:A:45:TYR:OH	0.62	2.52	5	1
1:A:9:TYR:CD2	1:A:63:MET:O	0.62	2.51	2	1
1:A:7:LYS:C	1:A:8:VAL:HG22	0.62	2.13	6	2
1:A:13:VAL:O	1:A:58:ASP:N	0.62	2.32	1	2
1:A:22:ILE:O	1:A:47:ALA:N	0.62	2.31	3	1
1:A:9:TYR:CD1	1:A:10:VAL:N	0.62	2.68	4	2
1:A:40:LYS:O	1:A:41:TYR:CD2	0.62	2.53	2	2
1:A:62:ILE:HD13	1:A:63:MET:N	0.62	2.09	2	1
1:A:64:GLU:CB	1:A:74:PHE:CB	0.62	2.77	1	2
1:A:77:VAL:O	1:A:78:GLU:CG	0.62	2.48	3	2
1:A:60:VAL:CG1	1:A:61:LYS:N	0.62	2.58	4	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:79:ILE:O	1:A:80:VAL:CG1	0.62	2.46	4	4
1:A:63:MET:HA	1:A:76:LEU:N	0.62	2.10	5	2
1:A:7:LYS:O	1:A:8:VAL:CB	0.62	2.48	3	6
1:A:14:VAL:CG2	1:A:60:VAL:HG11	0.62	2.25	4	1
1:A:17:LYS:O	1:A:18:MET:CB	0.62	2.48	5	6
1:A:24:VAL:HG21	1:A:62:ILE:HG21	0.62	1.71	5	1
1:A:10:VAL:HB	1:A:61:LYS:HG2	0.62	1.71	4	2
1:A:15:SER:O	1:A:16:ASP:CB	0.62	2.47	6	6
1:A:38:ARG:O	1:A:39:VAL:CB	0.62	2.47	6	5
1:A:14:VAL:HG22	1:A:60:VAL:CB	0.62	2.23	1	2
1:A:29:TYR:N	1:A:42:SER:H	0.62	1.92	1	1
1:A:10:VAL:HB	1:A:61:LYS:CA	0.62	2.24	5	2
1:A:63:MET:O	1:A:74:PHE:HB3	0.62	1.95	6	1
1:A:78:GLU:O	1:A:79:ILE:CG1	0.62	2.48	5	3
1:A:60:VAL:HG12	1:A:79:ILE:N	0.62	2.10	5	1
1:A:63:MET:HE3	1:A:76:LEU:HD12	0.62	1.69	3	1
1:A:14:VAL:CA	1:A:23:THR:O	0.62	2.48	5	3
1:A:29:TYR:CE1	1:A:39:VAL:HG23	0.62	2.30	3	1
1:A:62:ILE:HB	1:A:75:ARG:CA	0.61	2.25	6	1
1:A:13:VAL:N	1:A:58:ASP:O	0.61	2.32	5	2
1:A:15:SER:C	1:A:23:THR:OG1	0.61	2.38	2	1
1:A:13:VAL:HA	1:A:58:ASP:N	0.61	2.10	5	2
1:A:32:HIS:HB2	1:A:33:PRO:CD	0.61	2.25	3	5
1:A:9:TYR:CE1	1:A:45:TYR:CZ	0.61	2.88	1	2
1:A:13:VAL:CG2	1:A:25:LEU:CB	0.61	2.79	1	1
1:A:64:GLU:HG2	1:A:74:PHE:CE1	0.61	2.31	4	1
1:A:63:MET:HB3	1:A:74:PHE:CB	0.61	2.25	5	2
1:A:63:MET:HB3	1:A:74:PHE:C	0.61	2.15	5	2
1:A:24:VAL:CG2	1:A:25:LEU:N	0.61	2.63	3	6
1:A:60:VAL:O	1:A:61:LYS:CB	0.61	2.48	6	3
1:A:9:TYR:CG	1:A:45:TYR:CD1	0.61	2.89	3	2
1:A:62:ILE:HD13	1:A:74:PHE:CD1	0.61	2.31	3	1
1:A:8:VAL:N	1:A:63:MET:HB2	0.61	2.10	3	1
1:A:9:TYR:CD1	1:A:45:TYR:CD2	0.61	2.88	4	1
1:A:14:VAL:HA	1:A:23:THR:O	0.61	1.94	5	4
1:A:11:GLY:CA	1:A:24:VAL:CG2	0.61	2.78	6	2
1:A:59:ILE:CG2	1:A:80:VAL:CG1	0.61	2.79	6	1
1:A:23:THR:O	1:A:24:VAL:CB	0.61	2.47	3	3
1:A:62:ILE:HA	1:A:75:ARG:O	0.61	1.96	2	2
1:A:18:MET:O	1:A:20:LYS:N	0.61	2.34	1	4
1:A:40:LYS:O	1:A:41:TYR:CB	0.61	2.49	5	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:12:ARG:HB2	1:A:25:LEU:O	0.61	1.95	4	2
1:A:60:VAL:HG23	1:A:79:ILE:C	0.61	2.17	4	1
1:A:24:VAL:HG11	1:A:62:ILE:HB	0.61	1.72	5	1
1:A:10:VAL:HG11	1:A:61:LYS:CD	0.61	2.26	4	1
1:A:29:TYR:CG	1:A:39:VAL:CG2	0.61	2.79	6	2
1:A:26:VAL:HG23	1:A:45:TYR:CD1	0.61	2.30	5	1
1:A:77:VAL:O	1:A:78:GLU:CB	0.61	2.49	1	4
1:A:79:ILE:O	1:A:80:VAL:CG2	0.60	2.49	2	3
1:A:13:VAL:CG2	1:A:24:VAL:O	0.60	2.48	2	2
1:A:63:MET:O	1:A:64:GLU:CG	0.60	2.48	2	3
1:A:78:GLU:O	1:A:79:ILE:HG22	0.60	1.97	2	1
1:A:14:VAL:H	1:A:24:VAL:HA	0.60	1.56	6	3
1:A:28:THR:HG23	1:A:40:LYS:C	0.60	2.16	2	2
1:A:44:LYS:HG3	1:A:44:LYS:O	0.60	1.94	5	1
1:A:63:MET:HA	1:A:75:ARG:C	0.60	2.16	4	2
1:A:27:GLU:O	1:A:43:LYS:O	0.60	2.19	1	1
1:A:64:GLU:HB2	1:A:74:PHE:CA	0.60	2.25	6	1
1:A:22:ILE:O	1:A:23:THR:CG2	0.60	2.49	2	1
1:A:60:VAL:O	1:A:61:LYS:HG2	0.60	1.97	4	1
1:A:12:ARG:O	1:A:24:VAL:C	0.60	2.40	1	4
1:A:59:ILE:O	1:A:80:VAL:HG12	0.60	1.96	5	1
1:A:13:VAL:HA	1:A:57:GLY:CA	0.60	2.27	3	2
1:A:11:GLY:HA2	1:A:24:VAL:CB	0.60	2.25	3	1
1:A:14:VAL:O	1:A:23:THR:O	0.60	2.20	4	3
1:A:26:VAL:HG21	1:A:45:TYR:HE2	0.60	1.56	6	1
1:A:62:ILE:CG1	1:A:74:PHE:CD1	0.60	2.85	2	1
1:A:9:TYR:HB2	1:A:63:MET:CA	0.60	2.26	2	2
1:A:15:SER:CA	1:A:22:ILE:CG2	0.60	2.76	3	1
1:A:14:VAL:CG2	1:A:60:VAL:CG2	0.60	2.79	4	1
1:A:61:LYS:HD2	1:A:79:ILE:O	0.60	1.97	5	1
1:A:9:TYR:OH	1:A:63:MET:O	0.60	2.17	1	1
1:A:28:THR:O	1:A:41:TYR:CD1	0.60	2.54	4	2
1:A:26:VAL:HG21	1:A:45:TYR:CE2	0.60	2.31	6	2
1:A:60:VAL:O	1:A:78:GLU:C	0.60	2.40	3	2
1:A:24:VAL:O	1:A:25:LEU:CD1	0.60	2.49	5	1
1:A:60:VAL:HA	1:A:79:ILE:O	0.60	1.96	2	1
1:A:62:ILE:CA	1:A:75:ARG:O	0.60	2.50	3	3
1:A:60:VAL:O	1:A:79:ILE:CG2	0.60	2.48	1	2
1:A:63:MET:HB2	1:A:74:PHE:CD2	0.60	2.31	4	1
1:A:16:ASP:OD1	1:A:23:THR:HG21	0.60	1.96	6	1
1:A:10:VAL:HG23	1:A:26:VAL:CG2	0.60	2.27	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:63:MET:SD	1:A:74:PHE:CZ	0.60	2.94	5	1
1:A:32:HIS:CB	1:A:33:PRO:HD3	0.60	2.26	3	3
1:A:79:ILE:O	1:A:80:VAL:HG12	0.59	1.96	3	3
1:A:22:ILE:N	1:A:47:ALA:HA	0.59	2.12	1	1
1:A:54:ALA:O	1:A:55:LYS:CB	0.59	2.50	2	6
1:A:76:LEU:O	1:A:77:VAL:CB	0.59	2.50	5	6
1:A:50:GLU:O	1:A:51:HIS:CB	0.59	2.49	1	6
1:A:62:ILE:CA	1:A:76:LEU:HB3	0.59	2.27	2	2
1:A:9:TYR:CZ	1:A:62:ILE:HD12	0.59	2.32	1	1
1:A:9:TYR:C	1:A:10:VAL:CG1	0.59	2.67	1	2
1:A:48:HIS:CD2	1:A:49:ASP:O	0.59	2.56	6	1
1:A:28:THR:O	1:A:28:THR:HG23	0.59	1.96	2	1
1:A:10:VAL:CG2	1:A:61:LYS:HA	0.59	2.27	3	2
1:A:74:PHE:CE1	1:A:76:LEU:CD2	0.59	2.85	1	1
1:A:10:VAL:HG13	1:A:26:VAL:CG2	0.59	2.26	3	1
1:A:9:TYR:HE1	1:A:62:ILE:HG23	0.59	1.58	4	1
1:A:60:VAL:HG12	1:A:79:ILE:H	0.59	1.56	5	1
1:A:22:ILE:O	1:A:47:ALA:HA	0.59	1.97	1	1
1:A:30:LYS:O	1:A:31:LYS:CB	0.59	2.50	1	1
1:A:9:TYR:CZ	1:A:45:TYR:CD1	0.59	2.90	4	2
1:A:26:VAL:O	1:A:45:TYR:CE1	0.59	2.56	5	1
1:A:9:TYR:CB	1:A:63:MET:O	0.59	2.50	5	1
1:A:9:TYR:CE2	1:A:63:MET:O	0.59	2.55	1	2
1:A:60:VAL:CG2	1:A:79:ILE:O	0.59	2.51	1	1
1:A:10:VAL:HG13	1:A:26:VAL:HG11	0.59	1.74	3	1
1:A:27:GLU:O	1:A:28:THR:CG2	0.59	2.50	6	3
1:A:14:VAL:HA	1:A:23:THR:C	0.59	2.18	3	1
1:A:11:GLY:N	1:A:26:VAL:HG21	0.59	2.13	4	1
1:A:59:ILE:C	1:A:80:VAL:HA	0.59	2.18	3	3
1:A:25:LEU:HA	1:A:44:LYS:HA	0.59	1.73	1	2
1:A:14:VAL:O	1:A:47:ALA:O	0.59	2.21	2	3
1:A:29:TYR:CB	1:A:39:VAL:HG21	0.59	2.28	6	2
1:A:32:HIS:CD2	1:A:33:PRO:CD	0.59	2.85	2	4
1:A:11:GLY:N	1:A:60:VAL:CG1	0.59	2.66	2	1
1:A:24:VAL:O	1:A:25:LEU:HB3	0.59	1.97	3	1
1:A:60:VAL:HA	1:A:80:VAL:N	0.59	2.13	1	2
1:A:10:VAL:HG23	1:A:26:VAL:HG11	0.59	1.72	6	1
1:A:60:VAL:O	1:A:79:ILE:O	0.59	2.20	6	1
1:A:13:VAL:CG1	1:A:16:ASP:CB	0.58	2.80	6	1
1:A:9:TYR:N	1:A:63:MET:CG	0.58	2.66	6	1
1:A:29:TYR:O	1:A:42:SER:HA	0.58	1.98	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:24:VAL:HG22	1:A:25:LEU:N	0.58	2.13	3	5
1:A:25:LEU:HG	1:A:43:LYS:HA	0.58	1.75	2	1
1:A:61:LYS:CG	1:A:62:ILE:N	0.58	2.65	1	1
1:A:13:VAL:HA	1:A:58:ASP:H	0.58	1.57	4	2
1:A:39:VAL:O	1:A:40:LYS:HB2	0.58	1.99	1	5
1:A:63:MET:SD	1:A:74:PHE:CE2	0.58	2.96	5	1
1:A:10:VAL:CG1	1:A:26:VAL:HG11	0.58	2.29	3	1
1:A:39:VAL:CG2	1:A:40:LYS:N	0.58	2.66	4	1
1:A:43:LYS:CG	1:A:43:LYS:O	0.58	2.52	4	1
1:A:10:VAL:HG23	1:A:26:VAL:CG1	0.58	2.28	6	1
1:A:9:TYR:CD2	1:A:45:TYR:CE2	0.58	2.90	2	1
1:A:60:VAL:HG23	1:A:79:ILE:H	0.58	1.57	2	1
1:A:43:LYS:HB3	1:A:45:TYR:CE2	0.58	2.33	1	1
1:A:25:LEU:N	1:A:45:TYR:HD1	0.58	1.97	1	1
1:A:74:PHE:CZ	1:A:76:LEU:HD22	0.58	2.32	1	1
1:A:7:LYS:CB	1:A:63:MET:SD	0.58	2.92	3	1
1:A:14:VAL:CG2	1:A:60:VAL:HB	0.58	2.29	4	3
1:A:24:VAL:HG22	1:A:45:TYR:CD2	0.58	2.33	3	1
1:A:50:GLU:O	1:A:51:HIS:CG	0.58	2.57	5	4
1:A:10:VAL:HG23	1:A:26:VAL:HG21	0.58	1.75	6	1
1:A:9:TYR:CB	1:A:45:TYR:CE2	0.58	2.86	2	2
1:A:56:VAL:O	1:A:57:GLY:C	0.58	2.40	2	3
1:A:9:TYR:CZ	1:A:63:MET:O	0.58	2.57	1	1
1:A:13:VAL:CG2	1:A:25:LEU:HD23	0.58	2.24	3	1
1:A:24:VAL:HG13	1:A:45:TYR:C	0.58	2.18	6	4
1:A:16:ASP:O	1:A:16:ASP:CG	0.58	2.41	6	2
1:A:9:TYR:CE1	1:A:45:TYR:OH	0.58	2.54	2	1
1:A:44:LYS:C	1:A:45:TYR:CD2	0.58	2.77	1	1
1:A:29:TYR:CG	1:A:30:LYS:N	0.58	2.71	1	3
1:A:24:VAL:HG12	1:A:46:LYS:CA	0.58	2.29	6	1
1:A:63:MET:O	1:A:74:PHE:CB	0.58	2.51	6	2
1:A:13:VAL:O	1:A:60:VAL:CG2	0.58	2.49	5	1
1:A:8:VAL:HG12	1:A:75:ARG:CB	0.58	2.29	4	1
1:A:21:THR:O	1:A:22:ILE:CG2	0.58	2.52	1	3
1:A:26:VAL:HG23	1:A:45:TYR:CG	0.58	2.34	5	1
1:A:8:VAL:HG12	1:A:75:ARG:HD3	0.58	1.75	5	1
1:A:61:LYS:O	1:A:78:GLU:HA	0.57	1.99	2	2
1:A:53:GLU:O	1:A:54:ALA:O	0.57	2.22	6	3
1:A:59:ILE:CB	1:A:80:VAL:HG13	0.57	2.28	5	1
1:A:20:LYS:O	1:A:21:THR:OG1	0.57	2.22	6	4
1:A:33:PRO:O	1:A:34:LEU:HB2	0.57	1.99	5	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:10:VAL:CG2	1:A:11:GLY:N	0.57	2.67	1	2
1:A:13:VAL:CG2	1:A:25:LEU:HB2	0.57	2.29	1	1
1:A:14:VAL:HG23	1:A:60:VAL:CB	0.57	2.28	4	1
1:A:59:ILE:O	1:A:80:VAL:CA	0.57	2.53	4	4
1:A:39:VAL:HG13	1:A:40:LYS:H	0.57	1.60	5	3
1:A:10:VAL:HA	1:A:62:ILE:HG22	0.57	1.77	5	1
1:A:34:LEU:O	1:A:35:TYR:C	0.57	2.42	1	2
1:A:64:GLU:N	1:A:74:PHE:HB2	0.57	2.14	1	2
1:A:82:LYS:O	1:A:83:ALA:HB3	0.57	1.99	1	3
1:A:9:TYR:CZ	1:A:64:GLU:HB2	0.57	2.34	4	1
1:A:16:ASP:OD2	1:A:25:LEU:HD21	0.57	2.00	6	1
1:A:20:LYS:C	1:A:21:THR:HG22	0.57	2.20	5	1
1:A:14:VAL:HG23	1:A:60:VAL:HB	0.57	1.77	4	2
1:A:26:VAL:CB	1:A:45:TYR:CZ	0.57	2.81	6	2
1:A:9:TYR:HB3	1:A:62:ILE:HD11	0.57	1.77	3	2
1:A:41:TYR:N	1:A:41:TYR:CD1	0.57	2.71	5	1
1:A:63:MET:HG2	1:A:64:GLU:N	0.57	2.14	1	1
1:A:14:VAL:N	1:A:24:VAL:HA	0.57	2.15	1	5
1:A:78:GLU:O	1:A:79:ILE:CB	0.57	2.51	2	6
1:A:41:TYR:O	1:A:42:SER:OG	0.57	2.23	1	4
1:A:13:VAL:HG23	1:A:24:VAL:O	0.57	2.00	5	1
1:A:14:VAL:HG23	1:A:60:VAL:CG1	0.57	2.30	4	1
1:A:59:ILE:CG1	1:A:81:GLU:CB	0.57	2.83	6	1
1:A:25:LEU:HD23	1:A:43:LYS:HB2	0.57	1.72	5	1
1:A:29:TYR:CE2	1:A:30:LYS:HD2	0.57	2.35	3	1
1:A:63:MET:CG	1:A:75:ARG:O	0.56	2.53	4	3
1:A:21:THR:O	1:A:22:ILE:CB	0.56	2.53	1	5
1:A:25:LEU:HB3	1:A:44:LYS:HG2	0.56	1.76	6	1
1:A:9:TYR:CD1	1:A:45:TYR:OH	0.56	2.55	2	1
1:A:28:THR:C	1:A:42:SER:N	0.56	2.58	1	1
1:A:11:GLY:O	1:A:12:ARG:C	0.56	2.44	4	3
1:A:26:VAL:O	1:A:42:SER:O	0.56	2.23	4	1
1:A:57:GLY:O	1:A:58:ASP:HB2	0.56	2.00	4	4
1:A:13:VAL:HG23	1:A:24:VAL:C	0.56	2.19	5	2
1:A:25:LEU:HA	1:A:44:LYS:CB	0.56	2.31	6	1
1:A:15:SER:O	1:A:23:THR:OG1	0.56	2.23	2	1
1:A:9:TYR:CB	1:A:63:MET:HA	0.56	2.30	2	2
1:A:28:THR:O	1:A:40:LYS:HB2	0.56	2.00	1	2
1:A:23:THR:O	1:A:60:VAL:HG11	0.56	2.01	1	1
1:A:29:TYR:CE1	1:A:39:VAL:CG2	0.56	2.88	3	1
1:A:63:MET:O	1:A:75:ARG:N	0.56	2.37	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:24:VAL:CB	1:A:60:VAL:HG11	0.56	2.29	2	1
1:A:63:MET:CE	1:A:65:THR:CG2	0.56	2.84	1	1
1:A:49:ASP:CB	1:A:53:GLU:OE2	0.56	2.53	3	1
1:A:9:TYR:CE2	1:A:64:GLU:HG3	0.56	2.35	4	1
1:A:13:VAL:HG12	1:A:57:GLY:HA2	0.56	1.78	5	2
1:A:63:MET:SD	1:A:75:ARG:CB	0.56	2.93	2	1
1:A:29:TYR:O	1:A:30:LYS:O	0.56	2.24	3	2
1:A:58:ASP:HB2	1:A:80:VAL:CG2	0.56	2.31	3	1
1:A:33:PRO:O	1:A:34:LEU:CD2	0.56	2.54	5	1
1:A:29:TYR:N	1:A:41:TYR:O	0.56	2.39	2	1
1:A:61:LYS:HD2	1:A:80:VAL:CG2	0.56	2.30	2	1
1:A:13:VAL:HA	1:A:57:GLY:C	0.56	2.20	5	2
1:A:8:VAL:HA	1:A:63:MET:CG	0.56	2.30	1	1
1:A:23:THR:HA	1:A:46:LYS:HA	0.56	1.76	6	2
1:A:40:LYS:CG	1:A:41:TYR:N	0.56	2.69	6	1
1:A:8:VAL:O	1:A:64:GLU:O	0.56	2.24	5	1
1:A:76:LEU:CD2	1:A:77:VAL:CG1	0.56	2.81	3	1
1:A:25:LEU:HA	1:A:44:LYS:N	0.56	2.16	2	2
1:A:26:VAL:CB	1:A:45:TYR:OH	0.56	2.54	6	1
1:A:63:MET:N	1:A:75:ARG:O	0.56	2.39	6	2
1:A:49:ASP:OD2	1:A:54:ALA:HB3	0.56	2.00	2	1
1:A:8:VAL:CG2	1:A:9:TYR:N	0.56	2.68	5	3
1:A:64:GLU:CB	1:A:74:PHE:CA	0.56	2.84	6	2
1:A:62:ILE:O	1:A:63:MET:SD	0.56	2.63	5	2
1:A:39:VAL:HG22	1:A:40:LYS:H	0.56	1.59	5	1
1:A:28:THR:O	1:A:40:LYS:C	0.56	2.44	1	2
1:A:23:THR:HG21	1:A:45:TYR:C	0.56	2.22	1	1
1:A:51:HIS:O	1:A:52:ASN:CB	0.55	2.52	3	6
1:A:12:ARG:O	1:A:24:VAL:CG2	0.55	2.53	5	2
1:A:25:LEU:CA	1:A:44:LYS:O	0.55	2.54	2	1
1:A:53:GLU:O	1:A:54:ALA:CB	0.55	2.54	2	1
1:A:61:LYS:CD	1:A:77:VAL:HG11	0.55	2.31	4	1
1:A:39:VAL:HG13	1:A:40:LYS:N	0.55	2.16	5	2
1:A:9:TYR:HB3	1:A:63:MET:O	0.55	2.02	5	1
1:A:58:ASP:CB	1:A:80:VAL:CG2	0.55	2.81	3	1
1:A:15:SER:HA	1:A:22:ILE:HG22	0.55	1.74	3	1
1:A:11:GLY:HA3	1:A:26:VAL:HG22	0.55	1.77	5	2
1:A:63:MET:HG3	1:A:76:LEU:HA	0.55	1.77	5	1
1:A:76:LEU:HD23	1:A:77:VAL:CG2	0.55	2.24	2	1
1:A:10:VAL:CG2	1:A:61:LYS:HB2	0.55	2.31	1	1
1:A:11:GLY:O	1:A:58:ASP:O	0.55	2.25	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:9:TYR:CD1	1:A:9:TYR:C	0.55	2.79	4	1
1:A:25:LEU:CA	1:A:45:TYR:CD1	0.55	2.90	1	2
1:A:28:THR:C	1:A:42:SER:H	0.55	2.04	1	1
1:A:25:LEU:HB2	1:A:44:LYS:CD	0.55	2.31	3	1
1:A:9:TYR:CE1	1:A:62:ILE:HD13	0.55	2.37	4	1
1:A:63:MET:C	1:A:64:GLU:CG	0.55	2.70	3	1
1:A:49:ASP:OD2	1:A:53:GLU:CB	0.55	2.55	6	1
1:A:59:ILE:CG2	1:A:80:VAL:HG12	0.55	2.32	6	1
1:A:79:ILE:O	1:A:80:VAL:HB	0.55	2.01	1	4
1:A:20:LYS:O	1:A:21:THR:HB	0.55	2.02	5	2
1:A:64:GLU:HG3	1:A:64:GLU:O	0.55	2.02	1	1
1:A:8:VAL:HA	1:A:63:MET:SD	0.55	2.42	1	1
1:A:60:VAL:HG12	1:A:61:LYS:N	0.55	2.15	3	1
1:A:7:LYS:O	1:A:8:VAL:HB	0.55	2.02	3	1
1:A:10:VAL:HA	1:A:61:LYS:C	0.55	2.23	6	3
1:A:10:VAL:CG1	1:A:61:LYS:HA	0.55	2.32	6	1
1:A:62:ILE:CD1	1:A:63:MET:N	0.55	2.65	1	3
1:A:63:MET:CG	1:A:64:GLU:N	0.55	2.69	1	1
1:A:60:VAL:HG13	1:A:78:GLU:HB2	0.55	1.77	3	1
1:A:9:TYR:CE1	1:A:26:VAL:HG11	0.55	2.37	5	1
1:A:13:VAL:CA	1:A:57:GLY:HA2	0.55	2.32	3	2
1:A:28:THR:HA	1:A:43:LYS:N	0.55	2.17	1	1
1:A:73:ARG:N	1:A:73:ARG:CD	0.55	2.67	1	1
1:A:63:MET:O	1:A:74:PHE:CA	0.55	2.55	3	1
1:A:50:GLU:O	1:A:51:HIS:CD2	0.54	2.60	6	1
1:A:67:PRO:O	1:A:68:LEU:HD12	0.54	2.02	6	1
1:A:61:LYS:CD	1:A:79:ILE:O	0.54	2.56	5	1
1:A:26:VAL:O	1:A:43:LYS:O	0.54	2.25	2	1
1:A:14:VAL:HG21	1:A:79:ILE:HA	0.54	1.78	2	1
1:A:24:VAL:HB	1:A:60:VAL:CG1	0.54	2.31	1	1
1:A:29:TYR:CE1	1:A:39:VAL:HB	0.54	2.37	3	1
1:A:30:LYS:O	1:A:31:LYS:HB2	0.54	2.02	1	1
1:A:26:VAL:O	1:A:45:TYR:OH	0.54	2.23	5	2
1:A:24:VAL:CG1	1:A:46:LYS:N	0.54	2.70	6	1
1:A:48:HIS:C	1:A:48:HIS:CD2	0.54	2.81	3	2
1:A:61:LYS:CD	1:A:80:VAL:CG2	0.54	2.85	2	1
1:A:9:TYR:CG	1:A:45:TYR:CG	0.54	2.96	3	1
1:A:9:TYR:HD1	1:A:10:VAL:N	0.54	1.98	4	1
1:A:27:GLU:CA	1:A:43:LYS:HB3	0.54	2.33	4	1
1:A:29:TYR:HB3	1:A:41:TYR:CE1	0.54	2.37	5	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:43:LYS:HB3	0.54	2.31	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:28:THR:HG23	1:A:28:THR:O	0.54	2.03	1	1
1:A:15:SER:CA	1:A:47:ALA:HB1	0.54	2.32	1	1
1:A:30:LYS:O	1:A:30:LYS:CG	0.54	2.55	3	1
1:A:9:TYR:HB3	1:A:62:ILE:CD1	0.54	2.32	3	1
1:A:10:VAL:CG2	1:A:61:LYS:HD3	0.54	2.33	4	1
1:A:62:ILE:HA	1:A:76:LEU:N	0.54	2.17	6	1
1:A:62:ILE:CG1	1:A:63:MET:N	0.54	2.71	2	1
1:A:9:TYR:HB2	1:A:63:MET:N	0.54	2.18	2	1
1:A:76:LEU:CG	1:A:77:VAL:N	0.54	2.69	1	1
1:A:14:VAL:CG2	1:A:60:VAL:CG1	0.54	2.86	4	2
1:A:13:VAL:CG1	1:A:15:SER:O	0.54	2.56	1	1
1:A:24:VAL:HB	1:A:60:VAL:HG13	0.54	1.79	1	1
1:A:28:THR:HG23	1:A:40:LYS:HB3	0.54	1.78	1	1
1:A:25:LEU:N	1:A:45:TYR:CD1	0.54	2.76	1	1
1:A:43:LYS:HB3	1:A:45:TYR:OH	0.54	2.01	1	1
1:A:79:ILE:HG23	1:A:80:VAL:H	0.54	1.63	3	2
1:A:10:VAL:N	1:A:62:ILE:HG13	0.54	2.18	6	2
1:A:15:SER:C	1:A:47:ALA:CB	0.54	2.76	1	1
1:A:43:LYS:CB	1:A:45:TYR:OH	0.54	2.56	1	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:44:LYS:HA	0.54	2.33	4	1
1:A:14:VAL:HG21	1:A:60:VAL:HG21	0.54	1.79	4	1
1:A:62:ILE:C	1:A:63:MET:CG	0.54	2.75	3	3
1:A:78:GLU:O	1:A:79:ILE:CG2	0.54	2.56	6	3
1:A:43:LYS:C	1:A:45:TYR:HE1	0.54	2.06	5	1
1:A:24:VAL:HG21	1:A:62:ILE:CG2	0.54	2.31	5	1
1:A:64:GLU:CB	1:A:74:PHE:HB3	0.54	2.33	1	2
1:A:31:LYS:O	1:A:32:HIS:ND1	0.54	2.41	1	1
1:A:10:VAL:CA	1:A:62:ILE:HG13	0.54	2.33	6	2
1:A:61:LYS:CE	1:A:77:VAL:CG1	0.54	2.86	5	1
1:A:61:LYS:HD3	1:A:77:VAL:HG12	0.54	1.80	5	1
1:A:26:VAL:H	1:A:43:LYS:C	0.54	2.06	2	1
1:A:26:VAL:O	1:A:27:GLU:CB	0.54	2.56	3	1
1:A:61:LYS:O	1:A:62:ILE:HB	0.54	2.03	5	3
1:A:8:VAL:O	1:A:9:TYR:CB	0.54	2.55	6	4
1:A:29:TYR:HB3	1:A:41:TYR:H	0.54	1.63	1	1
1:A:29:TYR:CD2	1:A:39:VAL:CB	0.53	2.90	6	2
1:A:26:VAL:H	1:A:43:LYS:HA	0.53	1.63	5	1
1:A:64:GLU:CA	1:A:74:PHE:HA	0.53	2.33	2	1
1:A:42:SER:O	1:A:45:TYR:OH	0.53	2.27	4	1
1:A:14:VAL:HG21	1:A:60:VAL:CG2	0.53	2.33	4	1
1:A:14:VAL:CG1	1:A:49:ASP:N	0.53	2.71	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:73:ARG:HB3	1:A:74:PHE:CE1	0.53	2.39	6	1
1:A:27:GLU:C	1:A:43:LYS:O	0.53	2.46	1	1
1:A:26:VAL:HG12	1:A:27:GLU:H	0.53	1.62	3	1
1:A:61:LYS:HD2	1:A:77:VAL:CG1	0.53	2.34	4	1
1:A:43:LYS:C	1:A:45:TYR:CE1	0.53	2.81	5	1
1:A:64:GLU:CA	1:A:74:PHE:HB2	0.53	2.33	1	1
1:A:63:MET:HG2	1:A:76:LEU:HA	0.53	1.80	4	1
1:A:63:MET:CB	1:A:74:PHE:CB	0.53	2.87	5	1
1:A:15:SER:CA	1:A:23:THR:OG1	0.53	2.56	2	1
1:A:74:PHE:CD1	1:A:74:PHE:C	0.53	2.80	2	2
1:A:79:ILE:CG2	1:A:80:VAL:N	0.53	2.70	1	2
1:A:10:VAL:O	1:A:26:VAL:HG23	0.53	1.99	3	1
1:A:9:TYR:HB3	1:A:45:TYR:CE2	0.53	2.39	6	2
1:A:9:TYR:N	1:A:63:MET:HG2	0.53	2.18	6	1
1:A:62:ILE:C	1:A:63:MET:HG3	0.53	2.24	5	1
1:A:46:LYS:O	1:A:62:ILE:HG13	0.53	2.03	5	1
1:A:32:HIS:CE1	1:A:39:VAL:HG21	0.53	2.38	1	1
1:A:59:ILE:O	1:A:79:ILE:HG22	0.53	2.03	1	1
1:A:10:VAL:HG13	1:A:26:VAL:CB	0.53	2.34	3	1
1:A:24:VAL:HG12	1:A:46:LYS:N	0.53	2.19	6	1
1:A:64:GLU:HB2	1:A:74:PHE:HB3	0.53	1.76	6	2
1:A:60:VAL:O	1:A:78:GLU:CA	0.53	2.57	5	1
1:A:27:GLU:HG2	1:A:28:THR:HG22	0.53	1.78	2	1
1:A:9:TYR:CE1	1:A:45:TYR:CD1	0.53	2.97	1	2
1:A:30:LYS:CE	1:A:38:ARG:O	0.53	2.57	3	1
1:A:27:GLU:O	1:A:28:THR:HB	0.53	2.04	4	6
1:A:15:SER:HA	1:A:22:ILE:N	0.53	2.19	5	4
1:A:44:LYS:C	1:A:45:TYR:HD1	0.53	2.01	3	3
1:A:11:GLY:CA	1:A:24:VAL:HG21	0.53	2.31	6	1
1:A:60:VAL:HG13	1:A:78:GLU:HA	0.53	1.80	6	2
1:A:40:LYS:C	1:A:41:TYR:CG	0.53	2.80	5	2
1:A:46:LYS:O	1:A:62:ILE:HG12	0.53	2.03	5	1
1:A:13:VAL:HG22	1:A:24:VAL:O	0.53	2.03	2	1
1:A:26:VAL:O	1:A:27:GLU:HB2	0.53	2.03	3	1
1:A:10:VAL:HG12	1:A:61:LYS:HA	0.53	1.80	6	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:43:LYS:HD2	0.53	2.34	5	1
1:A:64:GLU:O	1:A:65:THR:O	0.53	2.26	2	1
1:A:11:GLY:C	1:A:24:VAL:CG2	0.53	2.75	1	1
1:A:21:THR:HA	1:A:48:HIS:HB3	0.53	1.79	1	1
1:A:27:GLU:N	1:A:43:LYS:CB	0.53	2.72	4	1
1:A:11:GLY:H	1:A:61:LYS:H	0.53	1.47	6	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:60:VAL:CG2	1:A:61:LYS:N	0.53	2.67	1	1
1:A:14:VAL:CB	1:A:57:GLY:HA3	0.52	2.34	6	1
1:A:8:VAL:O	1:A:9:TYR:HB3	0.52	2.05	4	2
1:A:32:HIS:NE2	1:A:39:VAL:CG2	0.52	2.72	1	1
1:A:33:PRO:O	1:A:34:LEU:CG	0.52	2.57	1	1
1:A:43:LYS:HB3	1:A:45:TYR:CZ	0.52	2.39	1	1
1:A:28:THR:CA	1:A:43:LYS:N	0.52	2.72	1	1
1:A:64:GLU:CB	1:A:74:PHE:HB2	0.52	2.33	1	1
1:A:15:SER:O	1:A:22:ILE:O	0.52	2.27	5	2
1:A:59:ILE:HB	1:A:80:VAL:O	0.52	2.03	5	3
1:A:35:TYR:CD1	1:A:35:TYR:C	0.52	2.83	2	1
1:A:11:GLY:N	1:A:61:LYS:H	0.52	2.02	6	2
1:A:61:LYS:C	1:A:76:LEU:HD22	0.52	2.23	2	1
1:A:8:VAL:HA	1:A:63:MET:CB	0.52	2.34	2	2
1:A:17:LYS:N	1:A:48:HIS:HA	0.52	2.19	1	1
1:A:29:TYR:O	1:A:42:SER:CA	0.52	2.57	1	1
1:A:63:MET:O	1:A:74:PHE:HB2	0.52	2.05	3	1
1:A:59:ILE:HG22	1:A:80:VAL:HG11	0.52	1.79	5	1
1:A:9:TYR:OH	1:A:28:THR:N	0.52	2.42	5	1
1:A:11:GLY:N	1:A:60:VAL:HG13	0.52	2.20	2	1
1:A:8:VAL:CA	1:A:63:MET:HB3	0.52	2.35	2	1
1:A:76:LEU:HD23	1:A:76:LEU:O	0.52	2.03	2	1
1:A:26:VAL:HB	1:A:45:TYR:CE1	0.52	2.39	1	1
1:A:14:VAL:O	1:A:22:ILE:C	0.52	2.48	4	1
1:A:62:ILE:O	1:A:63:MET:HB2	0.52	2.02	5	3
1:A:35:TYR:O	1:A:35:TYR:CG	0.52	2.62	6	1
1:A:55:LYS:C	1:A:56:VAL:CG2	0.52	2.78	2	1
1:A:13:VAL:C	1:A:14:VAL:CG2	0.52	2.77	1	1
1:A:9:TYR:CE2	1:A:63:MET:HA	0.52	2.40	1	1
1:A:8:VAL:CG1	1:A:63:MET:SD	0.52	2.98	1	1
1:A:25:LEU:HG	1:A:44:LYS:HA	0.52	1.82	4	1
1:A:44:LYS:CA	1:A:45:TYR:CD1	0.52	2.93	3	2
1:A:62:ILE:O	1:A:63:MET:HG2	0.52	2.04	3	2
1:A:25:LEU:HA	1:A:45:TYR:CD1	0.52	2.40	1	1
1:A:59:ILE:O	1:A:80:VAL:HA	0.52	2.04	1	1
1:A:65:THR:OG1	1:A:66:ARG:N	0.52	2.39	2	2
1:A:15:SER:O	1:A:16:ASP:OD1	0.52	2.28	6	3
1:A:31:LYS:O	1:A:32:HIS:C	0.52	2.48	5	5
1:A:31:LYS:C	1:A:32:HIS:CD2	0.52	2.83	5	2
1:A:23:THR:HB	1:A:46:LYS:O	0.52	2.05	1	1
1:A:27:GLU:N	1:A:43:LYS:HB3	0.52	2.19	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:79:ILE:C	1:A:80:VAL:CG2	0.52	2.78	4	1
1:A:12:ARG:O	1:A:25:LEU:N	0.52	2.43	1	2
1:A:39:VAL:O	1:A:40:LYS:HB3	0.52	2.04	6	1
1:A:42:SER:O	1:A:43:LYS:CG	0.52	2.58	5	2
1:A:62:ILE:CD1	1:A:62:ILE:C	0.52	2.77	5	1
1:A:44:LYS:N	1:A:45:TYR:CZ	0.52	2.78	1	1
1:A:21:THR:HA	1:A:48:HIS:CB	0.52	2.35	1	1
1:A:8:VAL:CA	1:A:63:MET:SD	0.52	2.97	1	1
1:A:63:MET:HE3	1:A:65:THR:CG2	0.52	2.34	1	1
1:A:18:MET:O	1:A:19:ASP:C	0.52	2.48	2	4
1:A:34:LEU:CG	1:A:34:LEU:O	0.52	2.55	6	1
1:A:59:ILE:CG1	1:A:81:GLU:HB2	0.52	2.35	6	1
1:A:9:TYR:OH	1:A:27:GLU:C	0.52	2.49	5	1
1:A:63:MET:O	1:A:64:GLU:HG3	0.52	2.04	2	2
1:A:25:LEU:HG	1:A:44:LYS:CA	0.52	2.35	1	1
1:A:62:ILE:HA	1:A:76:LEU:CD2	0.51	2.35	4	2
1:A:12:ARG:HB3	1:A:25:LEU:O	0.51	2.05	6	2
1:A:64:GLU:HA	1:A:74:PHE:HA	0.51	1.82	2	2
1:A:64:GLU:CA	1:A:74:PHE:CB	0.51	2.88	1	1
1:A:53:GLU:OE1	1:A:53:GLU:CA	0.51	2.57	3	1
1:A:6:ARG:O	1:A:7:LYS:HB3	0.51	2.06	3	1
1:A:9:TYR:HE1	1:A:62:ILE:CD1	0.51	2.16	4	1
1:A:22:ILE:HA	1:A:47:ALA:O	0.51	2.06	5	3
1:A:62:ILE:N	1:A:76:LEU:O	0.51	2.44	6	1
1:A:59:ILE:C	1:A:80:VAL:CG1	0.51	2.77	5	1
1:A:11:GLY:H	1:A:60:VAL:HG13	0.51	1.66	2	1
1:A:8:VAL:N	1:A:63:MET:SD	0.51	2.83	1	1
1:A:24:VAL:HG11	1:A:62:ILE:HG21	0.51	1.82	4	1
1:A:64:GLU:HG2	1:A:74:PHE:CZ	0.51	2.40	4	1
1:A:8:VAL:HG23	1:A:9:TYR:H	0.51	1.65	5	2
1:A:77:VAL:O	1:A:78:GLU:O	0.51	2.29	6	2
1:A:24:VAL:C	1:A:25:LEU:CD1	0.51	2.78	6	1
1:A:44:LYS:CD	1:A:44:LYS:O	0.51	2.59	5	1
1:A:78:GLU:O	1:A:79:ILE:HG12	0.51	2.05	1	2
1:A:62:ILE:HD11	1:A:74:PHE:CB	0.51	2.36	2	1
1:A:61:LYS:HB2	1:A:77:VAL:CG1	0.51	2.34	6	1
1:A:11:GLY:HA3	1:A:60:VAL:HG12	0.51	1.81	3	2
1:A:68:LEU:O	1:A:69:SER:CB	0.51	2.57	2	2
1:A:9:TYR:CG	1:A:63:MET:HA	0.51	2.39	2	1
1:A:74:PHE:N	1:A:74:PHE:CD1	0.51	2.78	5	1
1:A:29:TYR:CD1	1:A:39:VAL:HG13	0.51	2.41	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:29:TYR:CE1	1:A:39:VAL:CB	0.51	2.93	3	1
1:A:14:VAL:O	1:A:15:SER:CB	0.51	2.57	3	1
1:A:25:LEU:HB2	1:A:44:LYS:HG2	0.51	1.83	3	1
1:A:7:LYS:O	1:A:8:VAL:HG23	0.51	2.06	3	1
1:A:15:SER:OG	1:A:16:ASP:N	0.51	2.44	1	1
1:A:27:GLU:CB	1:A:41:TYR:O	0.51	2.59	1	1
1:A:22:ILE:O	1:A:23:THR:HB	0.51	2.05	3	1
1:A:26:VAL:HG21	1:A:45:TYR:CD2	0.51	2.40	2	1
1:A:59:ILE:CG2	1:A:80:VAL:O	0.51	2.58	4	1
1:A:50:GLU:C	1:A:51:HIS:CG	0.51	2.81	6	2
1:A:29:TYR:CE2	1:A:39:VAL:HB	0.51	2.41	6	2
1:A:45:TYR:HB3	1:A:74:PHE:CE1	0.51	2.40	3	2
1:A:63:MET:O	1:A:64:GLU:HB2	0.51	2.06	5	3
1:A:14:VAL:HG21	1:A:60:VAL:CA	0.51	2.35	5	1
1:A:9:TYR:O	1:A:10:VAL:HB	0.51	2.06	2	2
1:A:15:SER:CB	1:A:49:ASP:OD2	0.51	2.59	2	1
1:A:9:TYR:HA	1:A:45:TYR:CE2	0.51	2.41	3	1
1:A:13:VAL:HG11	1:A:16:ASP:HB3	0.51	1.82	6	1
1:A:78:GLU:C	1:A:79:ILE:CG2	0.51	2.78	6	2
1:A:24:VAL:CG1	1:A:62:ILE:HG13	0.51	2.36	5	1
1:A:27:GLU:HB3	1:A:41:TYR:O	0.51	2.05	1	1
1:A:10:VAL:CG2	1:A:60:VAL:O	0.51	2.54	1	1
1:A:29:TYR:CZ	1:A:30:LYS:HD3	0.51	2.41	3	1
1:A:25:LEU:HD13	1:A:44:LYS:CD	0.51	2.36	3	1
1:A:17:LYS:CA	1:A:55:LYS:O	0.50	2.59	4	1
1:A:15:SER:HB2	1:A:56:VAL:CA	0.50	2.37	5	1
1:A:24:VAL:CG2	1:A:62:ILE:HG21	0.50	2.35	5	1
1:A:29:TYR:CB	1:A:40:LYS:HB2	0.50	2.36	1	1
1:A:9:TYR:CE1	1:A:62:ILE:HD12	0.50	2.42	4	1
1:A:63:MET:HG2	1:A:76:LEU:CA	0.50	2.36	4	1
1:A:38:ARG:C	1:A:39:VAL:CG1	0.50	2.80	3	2
1:A:18:MET:HG3	1:A:20:LYS:CB	0.50	2.36	6	1
1:A:25:LEU:HG	1:A:44:LYS:CD	0.50	2.36	6	1
1:A:41:TYR:O	1:A:42:SER:HB2	0.50	2.06	5	4
1:A:14:VAL:HG12	1:A:53:GLU:HA	0.50	1.83	3	1
1:A:9:TYR:CD2	1:A:65:THR:CG2	0.50	2.94	3	1
1:A:26:VAL:H	1:A:44:LYS:HG2	0.50	1.66	6	1
1:A:23:THR:O	1:A:60:VAL:CG1	0.50	2.59	1	1
1:A:26:VAL:CG2	1:A:45:TYR:HE1	0.50	2.20	1	1
1:A:76:LEU:C	1:A:77:VAL:CG2	0.50	2.80	1	1
1:A:22:ILE:O	1:A:46:LYS:HA	0.50	2.06	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:9:TYR:CD2	1:A:74:PHE:CD2	0.50	2.99	3	1
1:A:48:HIS:NE2	1:A:49:ASP:O	0.50	2.45	3	2
1:A:54:ALA:O	1:A:55:LYS:CG	0.50	2.59	5	1
1:A:15:SER:HB2	1:A:56:VAL:HG13	0.50	1.81	5	1
1:A:18:MET:O	1:A:18:MET:CG	0.50	2.57	2	2
1:A:50:GLU:O	1:A:50:GLU:CG	0.50	2.59	1	1
1:A:24:VAL:CG1	1:A:46:LYS:O	0.50	2.59	4	1
1:A:16:ASP:OD1	1:A:16:ASP:O	0.50	2.29	3	3
1:A:21:THR:HG21	1:A:49:ASP:CG	0.50	2.26	6	1
1:A:9:TYR:C	1:A:10:VAL:CG2	0.50	2.80	6	2
1:A:16:ASP:O	1:A:17:LYS:HB2	0.50	2.06	3	4
1:A:61:LYS:O	1:A:78:GLU:CA	0.50	2.59	2	1
1:A:31:LYS:HA	1:A:41:TYR:OH	0.50	2.06	3	1
1:A:63:MET:SD	1:A:64:GLU:HG2	0.50	2.46	3	1
1:A:53:GLU:O	1:A:55:LYS:N	0.50	2.44	4	1
1:A:13:VAL:CG1	1:A:16:ASP:HB3	0.50	2.36	6	1
1:A:73:ARG:CB	1:A:74:PHE:CE1	0.50	2.94	6	1
1:A:61:LYS:HB2	1:A:77:VAL:HB	0.50	1.84	6	1
1:A:10:VAL:HG13	1:A:26:VAL:CG1	0.50	2.37	3	1
1:A:22:ILE:O	1:A:46:LYS:C	0.50	2.50	3	1
1:A:12:ARG:H	1:A:26:VAL:HG22	0.50	1.67	3	1
1:A:49:ASP:HA	1:A:53:GLU:OE2	0.50	2.07	3	1
1:A:35:TYR:CD2	1:A:37:LYS:HD3	0.50	2.42	4	1
1:A:16:ASP:OD2	1:A:25:LEU:CD2	0.50	2.60	6	1
1:A:52:ASN:O	1:A:53:GLU:CB	0.50	2.60	2	1
1:A:55:LYS:O	1:A:56:VAL:CG1	0.50	2.55	2	1
1:A:61:LYS:HG3	1:A:77:VAL:HG23	0.50	1.83	2	1
1:A:73:ARG:HD3	1:A:73:ARG:N	0.50	2.21	1	1
1:A:23:THR:CG2	1:A:24:VAL:H	0.50	2.18	4	1
1:A:40:LYS:HG3	1:A:41:TYR:N	0.50	2.21	6	1
1:A:27:GLU:O	1:A:45:TYR:OH	0.50	2.30	5	1
1:A:63:MET:CB	1:A:74:PHE:CG	0.50	2.95	5	1
1:A:53:GLU:O	1:A:54:ALA:C	0.49	2.50	3	3
1:A:63:MET:CB	1:A:75:ARG:N	0.49	2.75	5	2
1:A:10:VAL:O	1:A:45:TYR:CE2	0.49	2.65	6	1
1:A:24:VAL:O	1:A:25:LEU:HD13	0.49	2.05	6	1
1:A:60:VAL:HA	1:A:79:ILE:N	0.49	2.22	6	1
1:A:67:PRO:O	1:A:68:LEU:CB	0.49	2.59	5	1
1:A:27:GLU:HB3	1:A:42:SER:N	0.49	2.22	2	1
1:A:52:ASN:O	1:A:53:GLU:HB2	0.49	2.07	2	1
1:A:62:ILE:CA	1:A:76:LEU:HD22	0.49	2.37	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:28:THR:CG2	1:A:40:LYS:HB3	0.49	2.37	1	1
1:A:55:LYS:O	1:A:56:VAL:CG2	0.49	2.57	3	2
1:A:60:VAL:CG1	1:A:79:ILE:HA	0.49	2.37	5	1
1:A:61:LYS:CD	1:A:79:ILE:HG13	0.49	2.37	5	1
1:A:10:VAL:HG23	1:A:61:LYS:CA	0.49	2.37	2	3
1:A:29:TYR:O	1:A:41:TYR:O	0.49	2.29	2	1
1:A:63:MET:HG2	1:A:76:LEU:CB	0.49	2.36	2	1
1:A:21:THR:OG1	1:A:48:HIS:CD2	0.49	2.65	4	1
1:A:10:VAL:O	1:A:45:TYR:CD2	0.49	2.65	6	2
1:A:64:GLU:HG3	1:A:75:ARG:N	0.49	2.22	6	1
1:A:23:THR:C	1:A:24:VAL:CG1	0.49	2.79	3	2
1:A:11:GLY:N	1:A:24:VAL:HG21	0.49	2.22	1	1
1:A:61:LYS:HD2	1:A:77:VAL:HG11	0.49	1.85	4	1
1:A:10:VAL:CB	1:A:61:LYS:HD3	0.49	2.37	4	1
1:A:54:ALA:O	1:A:55:LYS:HB3	0.49	2.07	3	2
1:A:63:MET:SD	1:A:74:PHE:CE1	0.49	3.06	5	1
1:A:12:ARG:NH2	1:A:25:LEU:HD22	0.49	2.22	1	1
1:A:33:PRO:O	1:A:34:LEU:HB3	0.49	2.08	4	1
1:A:62:ILE:HB	1:A:75:ARG:HA	0.49	1.84	6	1
1:A:74:PHE:O	1:A:75:ARG:HB3	0.49	2.07	6	1
1:A:23:THR:OG1	1:A:46:LYS:CG	0.49	2.60	1	1
1:A:6:ARG:O	1:A:8:VAL:HG13	0.49	2.07	4	1
1:A:63:MET:CA	1:A:76:LEU:N	0.49	2.76	5	1
1:A:61:LYS:HG2	1:A:62:ILE:N	0.49	2.21	1	1
1:A:6:ARG:O	1:A:7:LYS:CB	0.49	2.61	3	1
1:A:12:ARG:O	1:A:13:VAL:CB	0.49	2.58	6	1
1:A:10:VAL:CG1	1:A:61:LYS:HG2	0.49	2.37	5	1
1:A:9:TYR:CZ	1:A:62:ILE:HD11	0.49	2.39	1	1
1:A:52:ASN:N	1:A:52:ASN:OD1	0.49	2.42	4	1
1:A:10:VAL:HG12	1:A:61:LYS:CA	0.49	2.37	6	2
1:A:76:LEU:CD1	1:A:77:VAL:HG23	0.49	2.38	6	1
1:A:79:ILE:HD12	1:A:80:VAL:N	0.49	2.22	6	1
1:A:10:VAL:HG12	1:A:61:LYS:CB	0.49	2.37	5	2
1:A:42:SER:C	1:A:43:LYS:CG	0.49	2.80	5	1
1:A:11:GLY:H	1:A:60:VAL:CG1	0.49	2.20	2	1
1:A:62:ILE:CA	1:A:76:LEU:O	0.49	2.60	6	1
1:A:62:ILE:C	1:A:75:ARG:O	0.49	2.51	3	3
1:A:76:LEU:C	1:A:77:VAL:HG12	0.49	2.28	3	1
1:A:27:GLU:O	1:A:41:TYR:O	0.49	2.30	6	1
1:A:39:VAL:O	1:A:40:LYS:CG	0.49	2.61	6	4
1:A:62:ILE:C	1:A:76:LEU:HB3	0.49	2.28	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:64:GLU:O	1:A:64:GLU:CD	0.49	2.52	1	1
1:A:27:GLU:HB3	1:A:43:LYS:N	0.49	2.23	3	1
1:A:63:MET:N	1:A:76:LEU:HA	0.48	2.22	4	2
1:A:15:SER:HB3	1:A:21:THR:CA	0.48	2.38	6	1
1:A:9:TYR:CA	1:A:45:TYR:CE2	0.48	2.96	3	1
1:A:76:LEU:O	1:A:77:VAL:HG12	0.48	2.07	3	1
1:A:6:ARG:O	1:A:7:LYS:O	0.48	2.31	4	1
1:A:31:LYS:O	1:A:32:HIS:HD2	0.48	1.90	5	2
1:A:13:VAL:CB	1:A:57:GLY:HA2	0.48	2.38	5	2
1:A:38:ARG:O	1:A:39:VAL:HG23	0.48	2.08	2	1
1:A:63:MET:HB3	1:A:74:PHE:HB2	0.48	1.82	5	1
1:A:28:THR:C	1:A:41:TYR:O	0.48	2.51	2	1
1:A:76:LEU:HD12	1:A:77:VAL:H	0.48	1.68	1	1
1:A:25:LEU:C	1:A:25:LEU:CD1	0.48	2.80	3	1
1:A:30:LYS:CD	1:A:38:ARG:O	0.48	2.62	3	1
1:A:17:LYS:N	1:A:55:LYS:O	0.48	2.46	4	1
1:A:76:LEU:CD1	1:A:76:LEU:O	0.48	2.53	6	1
1:A:42:SER:O	1:A:43:LYS:HG2	0.48	2.08	5	1
1:A:29:TYR:N	1:A:42:SER:N	0.48	2.59	1	1
1:A:61:LYS:HD3	1:A:77:VAL:CG2	0.48	2.37	1	1
1:A:76:LEU:CG	1:A:77:VAL:H	0.48	2.20	1	1
1:A:12:ARG:HB2	1:A:26:VAL:HG22	0.48	1.85	3	1
1:A:30:LYS:HG3	1:A:30:LYS:O	0.48	2.08	3	1
1:A:62:ILE:HD13	1:A:74:PHE:HD1	0.48	1.66	3	1
1:A:60:VAL:CG1	1:A:61:LYS:H	0.48	2.09	4	2
1:A:9:TYR:C	1:A:9:TYR:HD1	0.48	2.12	4	1
1:A:51:HIS:HB3	1:A:53:GLU:CG	0.48	2.39	5	1
1:A:63:MET:CG	1:A:75:ARG:C	0.48	2.82	2	1
1:A:16:ASP:OD2	1:A:20:LYS:HB3	0.48	2.09	3	1
1:A:15:SER:H	1:A:22:ILE:HG22	0.48	1.60	3	1
1:A:27:GLU:HB3	1:A:43:LYS:H	0.48	1.68	3	1
1:A:56:VAL:O	1:A:58:ASP:OD1	0.48	2.32	3	1
1:A:28:THR:HG23	1:A:41:TYR:HA	0.48	1.84	5	1
1:A:42:SER:C	1:A:43:LYS:HG3	0.48	2.28	5	1
1:A:45:TYR:HB3	1:A:62:ILE:CD1	0.48	2.38	5	1
1:A:10:VAL:CB	1:A:61:LYS:HG2	0.48	2.38	5	1
1:A:29:TYR:CD1	1:A:39:VAL:O	0.48	2.66	2	1
1:A:60:VAL:CG2	1:A:61:LYS:H	0.48	2.13	2	1
1:A:15:SER:CB	1:A:48:HIS:O	0.48	2.60	1	1
1:A:77:VAL:O	1:A:78:GLU:HB2	0.48	2.08	1	2
1:A:64:GLU:HB3	1:A:74:PHE:HB2	0.48	1.85	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:VAL:C	1:A:63:MET:HA	0.48	2.29	3	1
1:A:25:LEU:HD23	1:A:43:LYS:C	0.48	2.29	4	1
1:A:38:ARG:NH1	1:A:38:ARG:HG2	0.48	2.23	4	1
1:A:32:HIS:CD2	1:A:33:PRO:N	0.48	2.82	6	2
1:A:48:HIS:NE2	1:A:51:HIS:CE1	0.48	2.82	6	1
1:A:59:ILE:O	1:A:79:ILE:C	0.48	2.52	6	2
1:A:10:VAL:CB	1:A:61:LYS:CA	0.48	2.90	5	1
1:A:8:VAL:O	1:A:9:TYR:HB2	0.48	2.09	5	1
1:A:37:LYS:O	1:A:39:VAL:N	0.48	2.47	2	1
1:A:61:LYS:HG2	1:A:80:VAL:HG23	0.48	1.85	2	1
1:A:28:THR:HA	1:A:43:LYS:CA	0.48	2.39	1	1
1:A:7:LYS:C	1:A:8:VAL:CG1	0.48	2.83	4	1
1:A:12:ARG:N	1:A:24:VAL:CG2	0.48	2.75	6	1
1:A:9:TYR:HB3	1:A:45:TYR:CD2	0.48	2.44	6	2
1:A:13:VAL:CA	1:A:58:ASP:O	0.48	2.62	5	1
1:A:20:LYS:CG	1:A:46:LYS:HD2	0.48	2.39	1	1
1:A:60:VAL:CA	1:A:79:ILE:H	0.47	2.21	6	1
1:A:29:TYR:OH	1:A:32:HIS:HB3	0.47	2.09	2	1
1:A:25:LEU:HG	1:A:44:LYS:CB	0.47	2.39	1	1
1:A:15:SER:O	1:A:16:ASP:OD2	0.47	2.32	4	2
1:A:8:VAL:CB	1:A:63:MET:HG2	0.47	2.38	6	1
1:A:26:VAL:O	1:A:43:LYS:HA	0.47	2.09	5	1
1:A:18:MET:C	1:A:20:LYS:N	0.47	2.66	3	3
1:A:62:ILE:CA	1:A:76:LEU:CB	0.47	2.86	3	1
1:A:9:TYR:CZ	1:A:65:THR:HG21	0.47	2.43	3	1
1:A:29:TYR:HB3	1:A:41:TYR:CD1	0.47	2.44	4	2
1:A:24:VAL:HG22	1:A:26:VAL:HG23	0.47	1.85	2	1
1:A:66:ARG:O	1:A:68:LEU:N	0.47	2.47	2	1
1:A:62:ILE:HA	1:A:76:LEU:HA	0.47	1.85	1	1
1:A:60:VAL:HG13	1:A:78:GLU:CB	0.47	2.40	3	1
1:A:28:THR:O	1:A:41:TYR:CG	0.47	2.68	4	1
1:A:14:VAL:C	1:A:23:THR:O	0.47	2.52	5	1
1:A:80:VAL:O	1:A:81:GLU:HB2	0.47	2.09	5	2
1:A:27:GLU:HB3	1:A:42:SER:CA	0.47	2.39	2	1
1:A:24:VAL:HG22	1:A:45:TYR:HB2	0.47	1.87	5	1
1:A:61:LYS:HG3	1:A:77:VAL:CG2	0.47	2.40	2	1
1:A:64:GLU:O	1:A:74:PHE:HA	0.47	2.09	3	1
1:A:79:ILE:C	1:A:80:VAL:CG1	0.47	2.78	3	1
1:A:35:TYR:CE2	1:A:37:LYS:HE2	0.47	2.44	4	1
1:A:39:VAL:O	1:A:40:LYS:HG2	0.47	2.09	6	1
1:A:75:ARG:HG3	1:A:76:LEU:N	0.47	2.24	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:8:VAL:HA	1:A:63:MET:HB3	0.47	1.87	2	1
1:A:24:VAL:CG2	1:A:45:TYR:CD2	0.47	2.97	3	1
1:A:17:LYS:O	1:A:18:MET:HB3	0.47	2.08	3	1
1:A:78:GLU:OE2	1:A:79:ILE:N	0.47	2.47	3	1
1:A:11:GLY:H	1:A:61:LYS:C	0.47	2.13	6	1
1:A:59:ILE:CB	1:A:80:VAL:HG12	0.47	2.35	2	2
1:A:61:LYS:HE2	1:A:77:VAL:CG1	0.47	2.39	5	1
1:A:15:SER:HB3	1:A:53:GLU:OE2	0.47	2.10	3	1
1:A:18:MET:HG3	1:A:18:MET:O	0.47	2.09	4	1
1:A:13:VAL:C	1:A:57:GLY:HA3	0.47	2.30	4	1
1:A:10:VAL:CG2	1:A:26:VAL:CG1	0.47	2.87	6	1
1:A:24:VAL:HG12	1:A:46:LYS:C	0.47	2.30	6	1
1:A:82:LYS:O	1:A:83:ALA:O	0.47	2.33	5	1
1:A:62:ILE:O	1:A:76:LEU:HB3	0.47	2.10	2	1
1:A:63:MET:SD	1:A:75:ARG:HB2	0.47	2.49	2	1
1:A:11:GLY:HA2	1:A:24:VAL:HB	0.47	1.86	3	1
1:A:9:TYR:CE2	1:A:65:THR:CG2	0.47	2.98	3	1
1:A:25:LEU:CG	1:A:44:LYS:HA	0.47	2.40	4	1
1:A:63:MET:SD	1:A:75:ARG:O	0.47	2.73	4	1
1:A:26:VAL:CG2	1:A:45:TYR:HE2	0.47	2.17	3	2
1:A:27:GLU:CA	1:A:41:TYR:HB3	0.47	2.39	6	1
1:A:26:VAL:CG1	1:A:45:TYR:OH	0.47	2.63	6	1
1:A:55:LYS:O	1:A:56:VAL:C	0.47	2.52	6	1
1:A:28:THR:CA	1:A:42:SER:C	0.47	2.84	1	1
1:A:63:MET:CA	1:A:75:ARG:N	0.46	2.78	5	2
1:A:25:LEU:HA	1:A:44:LYS:CA	0.46	2.40	6	1
1:A:11:GLY:HA3	1:A:60:VAL:CG1	0.46	2.40	3	2
1:A:13:VAL:HG21	1:A:25:LEU:HD12	0.46	1.87	5	1
1:A:38:ARG:O	1:A:39:VAL:CG2	0.46	2.63	2	1
1:A:25:LEU:HB2	1:A:44:LYS:CG	0.46	2.40	3	1
1:A:7:LYS:CB	1:A:65:THR:HA	0.46	2.40	4	1
1:A:15:SER:O	1:A:22:ILE:HB	0.46	2.09	3	1
1:A:24:VAL:N	1:A:45:TYR:O	0.46	2.49	4	1
1:A:45:TYR:HB3	1:A:74:PHE:CZ	0.46	2.46	6	1
1:A:27:GLU:N	1:A:42:SER:HA	0.46	2.25	2	1
1:A:29:TYR:CB	1:A:41:TYR:H	0.46	2.23	2	1
1:A:11:GLY:HA2	1:A:59:ILE:CG2	0.46	2.40	1	1
1:A:44:LYS:N	1:A:45:TYR:CE1	0.46	2.83	3	1
1:A:18:MET:SD	1:A:56:VAL:HG11	0.46	2.49	3	1
1:A:9:TYR:HA	1:A:45:TYR:CZ	0.46	2.45	3	1
1:A:15:SER:CB	1:A:21:THR:HA	0.46	2.41	4	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:16:ASP:O	1:A:17:LYS:HB3	0.46	2.09	2	2
1:A:61:LYS:HD2	1:A:80:VAL:HG21	0.46	1.88	2	1
1:A:16:ASP:OD1	1:A:17:LYS:HD2	0.46	2.11	3	1
1:A:23:THR:C	1:A:45:TYR:O	0.46	2.53	5	3
1:A:25:LEU:HD12	1:A:44:LYS:HB3	0.46	1.88	6	1
1:A:25:LEU:C	1:A:26:VAL:HG23	0.46	2.24	1	4
1:A:32:HIS:CE1	1:A:39:VAL:HG22	0.46	2.46	2	1
1:A:43:LYS:O	1:A:43:LYS:HG2	0.46	2.10	4	1
1:A:61:LYS:HE2	1:A:77:VAL:HG11	0.46	1.88	4	2
1:A:25:LEU:N	1:A:25:LEU:CD1	0.46	2.79	6	1
1:A:76:LEU:C	1:A:76:LEU:CD1	0.46	2.82	6	1
1:A:61:LYS:CG	1:A:79:ILE:O	0.46	2.63	5	1
1:A:29:TYR:CA	1:A:41:TYR:O	0.46	2.64	2	1
1:A:18:MET:HG2	1:A:46:LYS:CB	0.46	2.41	1	1
1:A:24:VAL:CG2	1:A:45:TYR:HD2	0.46	2.24	3	1
1:A:30:LYS:CG	1:A:31:LYS:N	0.46	2.77	6	2
1:A:23:THR:N	1:A:46:LYS:HA	0.46	2.25	5	2
1:A:11:GLY:N	1:A:61:LYS:HA	0.46	2.26	5	1
1:A:14:VAL:HG12	1:A:49:ASP:OD1	0.46	2.11	2	1
1:A:25:LEU:HA	1:A:45:TYR:H	0.46	1.70	1	1
1:A:10:VAL:CG1	1:A:26:VAL:HG21	0.46	2.38	3	1
1:A:28:THR:OG1	1:A:42:SER:OG	0.46	2.32	3	1
1:A:63:MET:HG3	1:A:64:GLU:CG	0.46	2.41	3	1
1:A:62:ILE:CD1	1:A:74:PHE:HB2	0.46	2.41	3	1
1:A:54:ALA:O	1:A:55:LYS:HB2	0.46	2.10	4	2
1:A:25:LEU:HA	1:A:44:LYS:HG2	0.46	1.88	6	2
1:A:10:VAL:CG1	1:A:61:LYS:CB	0.46	2.93	5	1
1:A:10:VAL:CG1	1:A:61:LYS:HB3	0.46	2.37	5	1
1:A:15:SER:HB3	1:A:49:ASP:OD2	0.46	2.11	2	1
1:A:48:HIS:CD2	1:A:48:HIS:C	0.46	2.88	2	2
1:A:60:VAL:C	1:A:61:LYS:CG	0.46	2.84	6	1
1:A:14:VAL:CG1	1:A:53:GLU:HA	0.46	2.40	3	1
1:A:27:GLU:HB2	1:A:41:TYR:CD2	0.46	2.46	6	1
1:A:42:SER:O	1:A:43:LYS:HG3	0.46	2.10	1	1
1:A:28:THR:OG1	1:A:42:SER:HA	0.46	2.11	3	1
1:A:9:TYR:CZ	1:A:64:GLU:HG3	0.45	2.46	4	1
1:A:31:LYS:O	1:A:32:HIS:O	0.45	2.34	1	2
1:A:61:LYS:HD2	1:A:79:ILE:HG13	0.45	1.88	5	1
1:A:63:MET:HA	1:A:75:ARG:N	0.45	2.27	5	1
1:A:10:VAL:HG22	1:A:11:GLY:N	0.45	2.25	2	1
1:A:29:TYR:O	1:A:30:LYS:C	0.45	2.55	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:28:THR:HA	1:A:42:SER:C	0.45	2.31	1	1
1:A:17:LYS:CA	1:A:48:HIS:HA	0.45	2.41	1	1
1:A:59:ILE:HB	1:A:81:GLU:CB	0.45	2.41	6	1
1:A:10:VAL:HA	1:A:62:ILE:CG2	0.45	2.40	5	1
1:A:44:LYS:HD3	1:A:44:LYS:O	0.45	2.11	5	1
1:A:23:THR:CG2	1:A:24:VAL:N	0.45	2.73	1	1
1:A:60:VAL:CB	1:A:79:ILE:O	0.45	2.65	1	1
1:A:31:LYS:CA	1:A:41:TYR:OH	0.45	2.64	3	1
1:A:8:VAL:O	1:A:64:GLU:C	0.45	2.54	5	1
1:A:22:ILE:HG12	1:A:46:LYS:HB3	0.45	1.87	2	1
1:A:39:VAL:HG13	1:A:41:TYR:CE1	0.45	2.44	6	1
1:A:62:ILE:O	1:A:63:MET:HB3	0.45	2.11	2	2
1:A:63:MET:CG	1:A:64:GLU:HG2	0.45	2.41	3	1
1:A:9:TYR:CZ	1:A:64:GLU:CB	0.45	2.99	4	1
1:A:26:VAL:O	1:A:45:TYR:HE1	0.45	1.95	5	1
1:A:60:VAL:C	1:A:79:ILE:O	0.45	2.55	2	2
1:A:15:SER:HA	1:A:21:THR:C	0.45	2.32	3	1
1:A:9:TYR:CD1	1:A:45:TYR:CD1	0.45	3.05	3	1
1:A:34:LEU:O	1:A:34:LEU:HG	0.45	2.11	2	3
1:A:24:VAL:HG12	1:A:46:LYS:O	0.45	2.12	2	2
1:A:46:LYS:HE2	1:A:73:ARG:CG	0.45	2.41	6	1
1:A:25:LEU:HG	1:A:43:LYS:CA	0.45	2.40	2	1
1:A:29:TYR:HB2	1:A:40:LYS:HB2	0.45	1.88	1	1
1:A:63:MET:HB3	1:A:75:ARG:CB	0.45	2.41	1	1
1:A:39:VAL:O	1:A:40:LYS:HG3	0.45	2.11	3	2
1:A:62:ILE:CD1	1:A:74:PHE:CD1	0.45	2.98	3	1
1:A:51:HIS:O	1:A:52:ASN:HB2	0.45	2.12	4	1
1:A:18:MET:HG2	1:A:20:LYS:CB	0.45	2.42	5	1
1:A:24:VAL:O	1:A:45:TYR:O	0.45	2.35	3	1
1:A:25:LEU:CG	1:A:44:LYS:HB3	0.45	2.42	6	1
1:A:25:LEU:CB	1:A:44:LYS:CG	0.45	2.93	6	1
1:A:75:ARG:CG	1:A:76:LEU:N	0.45	2.80	6	1
1:A:10:VAL:HA	1:A:61:LYS:CA	0.45	2.39	2	1
1:A:25:LEU:HA	1:A:44:LYS:O	0.45	2.12	2	1
1:A:15:SER:HB2	1:A:48:HIS:O	0.45	2.12	1	1
1:A:15:SER:O	1:A:21:THR:O	0.45	2.35	3	1
1:A:15:SER:O	1:A:16:ASP:CG	0.45	2.55	4	2
1:A:26:VAL:C	1:A:43:LYS:CB	0.45	2.85	4	1
1:A:32:HIS:CD2	1:A:32:HIS:C	0.45	2.90	6	2
1:A:60:VAL:CA	1:A:79:ILE:N	0.45	2.79	6	1
1:A:29:TYR:CE1	1:A:30:LYS:HB2	0.45	2.46	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:53:GLU:CB	1:A:55:LYS:HE2	0.44	2.42	4	1
1:A:8:VAL:HB	1:A:63:MET:HG2	0.44	1.89	6	1
1:A:13:VAL:CG1	1:A:57:GLY:HA2	0.44	2.42	5	1
1:A:37:LYS:O	1:A:38:ARG:C	0.44	2.55	5	1
1:A:61:LYS:HD2	1:A:79:ILE:C	0.44	2.32	5	1
1:A:9:TYR:CD2	1:A:45:TYR:CD2	0.44	3.05	2	1
1:A:60:VAL:CA	1:A:79:ILE:O	0.44	2.64	2	1
1:A:82:LYS:O	1:A:83:ALA:CB	0.44	2.65	2	3
1:A:16:ASP:O	1:A:17:LYS:CG	0.44	2.65	4	1
1:A:15:SER:CB	1:A:56:VAL:CG2	0.44	2.91	5	1
1:A:72:LYS:O	1:A:73:ARG:O	0.44	2.35	5	1
1:A:64:GLU:O	1:A:65:THR:C	0.44	2.54	2	1
1:A:15:SER:C	1:A:47:ALA:HB1	0.44	2.33	1	1
1:A:72:LYS:O	1:A:73:ARG:CB	0.44	2.64	3	1
1:A:8:VAL:CA	1:A:64:GLU:O	0.44	2.64	4	1
1:A:45:TYR:HB3	1:A:62:ILE:HD12	0.44	1.88	5	1
1:A:45:TYR:HB3	1:A:62:ILE:CG1	0.44	2.43	5	1
1:A:28:THR:HA	1:A:43:LYS:HA	0.44	1.88	1	1
1:A:26:VAL:C	1:A:45:TYR:OH	0.44	2.56	3	1
1:A:9:TYR:CE1	1:A:65:THR:HG21	0.44	2.47	3	1
1:A:10:VAL:HG11	1:A:61:LYS:HD3	0.44	1.87	4	1
1:A:13:VAL:HA	1:A:56:VAL:O	0.44	2.13	6	1
1:A:34:LEU:HG	1:A:34:LEU:O	0.44	2.13	6	1
1:A:26:VAL:N	1:A:44:LYS:HG2	0.44	2.28	6	1
1:A:14:VAL:HG13	1:A:60:VAL:HB	0.44	1.90	1	1
1:A:78:GLU:CG	1:A:79:ILE:N	0.44	2.80	3	1
1:A:71:THR:O	1:A:72:LYS:O	0.44	2.36	4	2
1:A:16:ASP:C	1:A:16:ASP:OD1	0.44	2.56	5	2
1:A:10:VAL:HG22	1:A:26:VAL:HG11	0.44	1.88	6	1
1:A:30:LYS:HG2	1:A:31:LYS:N	0.44	2.27	6	1
1:A:59:ILE:O	1:A:79:ILE:HG23	0.44	2.13	3	1
1:A:17:LYS:CB	1:A:55:LYS:O	0.44	2.65	4	1
1:A:14:VAL:CG1	1:A:60:VAL:HB	0.44	2.43	1	1
1:A:9:TYR:CE2	1:A:74:PHE:CD2	0.44	3.06	3	1
1:A:49:ASP:OD1	1:A:49:ASP:N	0.44	2.50	6	1
1:A:63:MET:SD	1:A:74:PHE:CD2	0.44	3.10	5	1
1:A:13:VAL:O	1:A:57:GLY:C	0.44	2.56	2	1
1:A:25:LEU:HG	1:A:44:LYS:HB2	0.44	1.90	1	1
1:A:22:ILE:C	1:A:47:ALA:HA	0.44	2.32	1	1
1:A:21:THR:CG2	1:A:49:ASP:CG	0.44	2.86	6	1
1:A:14:VAL:O	1:A:23:THR:C	0.44	2.56	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:25:LEU:C	1:A:45:TYR:CD1	0.44	2.91	5	1
1:A:74:PHE:CE1	1:A:78:GLU:HB3	0.44	2.47	2	1
1:A:25:LEU:HA	1:A:45:TYR:N	0.44	2.28	1	1
1:A:79:ILE:HG22	1:A:80:VAL:N	0.44	2.28	1	1
1:A:16:ASP:O	1:A:17:LYS:HG2	0.44	2.13	4	1
1:A:61:LYS:HD2	1:A:77:VAL:CB	0.44	2.42	4	1
1:A:77:VAL:O	1:A:78:GLU:HG3	0.44	2.13	4	1
1:A:57:GLY:O	1:A:58:ASP:CG	0.44	2.56	6	1
1:A:63:MET:HB2	1:A:74:PHE:HB2	0.44	1.90	5	1
1:A:59:ILE:O	1:A:80:VAL:CG1	0.44	2.65	5	1
1:A:52:ASN:O	1:A:53:GLU:CD	0.44	2.57	2	1
1:A:60:VAL:O	1:A:61:LYS:HB3	0.44	2.12	2	1
1:A:48:HIS:O	1:A:48:HIS:CD2	0.44	2.71	3	1
1:A:61:LYS:HG3	1:A:79:ILE:CG2	0.44	2.43	3	1
1:A:12:ARG:N	1:A:25:LEU:O	0.43	2.51	4	1
1:A:9:TYR:CE1	1:A:62:ILE:HG23	0.43	2.45	4	1
1:A:25:LEU:CD1	1:A:44:LYS:HB3	0.43	2.43	6	1
1:A:34:LEU:HA	1:A:37:LYS:O	0.43	2.13	6	1
1:A:21:THR:CG2	1:A:49:ASP:OD1	0.43	2.58	6	1
1:A:10:VAL:HG12	1:A:77:VAL:HB	0.43	1.90	5	1
1:A:24:VAL:CG1	1:A:45:TYR:HB3	0.43	2.39	5	1
1:A:28:THR:OG1	1:A:40:LYS:HB3	0.43	2.13	2	1
1:A:63:MET:HG2	1:A:76:LEU:HB2	0.43	1.89	2	2
1:A:23:THR:OG1	1:A:46:LYS:HG2	0.43	2.13	1	1
1:A:60:VAL:HG13	1:A:78:GLU:CA	0.43	2.43	3	1
1:A:70:ALA:O	1:A:71:THR:CB	0.43	2.66	3	1
1:A:39:VAL:HG13	1:A:41:TYR:CD1	0.43	2.48	6	1
1:A:25:LEU:CA	1:A:45:TYR:HD1	0.43	2.26	5	1
1:A:14:VAL:O	1:A:15:SER:HB3	0.43	2.13	3	1
1:A:53:GLU:OE1	1:A:53:GLU:HA	0.43	2.12	3	1
1:A:10:VAL:N	1:A:45:TYR:HE2	0.43	2.07	6	1
1:A:60:VAL:HG12	1:A:61:LYS:O	0.43	2.14	6	2
1:A:37:LYS:O	1:A:39:VAL:HG12	0.43	2.14	5	1
1:A:48:HIS:CE1	1:A:49:ASP:O	0.43	2.71	3	1
1:A:68:LEU:O	1:A:69:SER:C	0.43	2.57	5	1
1:A:27:GLU:C	1:A:28:THR:CG2	0.43	2.83	2	1
1:A:64:GLU:CD	1:A:64:GLU:O	0.43	2.56	2	1
1:A:44:LYS:N	1:A:45:TYR:CE2	0.43	2.85	1	1
1:A:31:LYS:O	1:A:32:HIS:HB2	0.43	2.12	4	1
1:A:53:GLU:O	1:A:55:LYS:HG2	0.43	2.14	4	1
1:A:61:LYS:HB2	1:A:78:GLU:C	0.43	2.34	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:29:TYR:CE2	1:A:39:VAL:HG11	0.43	2.47	5	1
1:A:77:VAL:C	1:A:78:GLU:CG	0.43	2.85	5	1
1:A:8:VAL:HA	1:A:75:ARG:HB2	0.43	1.90	5	1
1:A:50:GLU:O	1:A:50:GLU:HG3	0.43	2.12	1	1
1:A:22:ILE:CG2	1:A:23:THR:N	0.43	2.82	3	1
1:A:30:LYS:CE	1:A:38:ARG:HB3	0.43	2.43	3	1
1:A:15:SER:HA	1:A:22:ILE:O	0.43	2.14	6	1
1:A:81:GLU:OE1	1:A:81:GLU:CA	0.43	2.66	5	1
1:A:49:ASP:OD2	1:A:54:ALA:CB	0.43	2.66	2	1
1:A:63:MET:O	1:A:74:PHE:C	0.43	2.57	3	1
1:A:54:ALA:O	1:A:55:LYS:HG3	0.43	2.14	4	1
1:A:13:VAL:O	1:A:56:VAL:C	0.43	2.56	6	1
1:A:33:PRO:O	1:A:34:LEU:HG	0.43	2.13	1	1
1:A:47:ALA:O	1:A:48:HIS:HB3	0.43	2.14	1	1
1:A:7:LYS:HB2	1:A:63:MET:SD	0.43	2.53	3	1
1:A:43:LYS:C	1:A:44:LYS:HG2	0.43	2.34	4	1
1:A:49:ASP:OD2	1:A:53:GLU:HB2	0.43	2.13	6	1
1:A:18:MET:CG	1:A:18:MET:O	0.43	2.67	5	1
1:A:8:VAL:HA	1:A:75:ARG:HG3	0.43	1.91	5	1
1:A:24:VAL:CG2	1:A:26:VAL:CG2	0.43	2.96	2	1
1:A:77:VAL:O	1:A:78:GLU:HG2	0.43	2.13	2	1
1:A:62:ILE:CG2	1:A:76:LEU:HB3	0.43	2.43	1	1
1:A:20:LYS:C	1:A:21:THR:CG2	0.43	2.86	4	1
1:A:14:VAL:HG11	1:A:49:ASP:N	0.43	2.27	6	1
1:A:62:ILE:HA	1:A:76:LEU:O	0.43	2.12	6	1
1:A:59:ILE:HG21	1:A:80:VAL:CG1	0.43	2.44	6	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:43:LYS:CD	0.43	2.96	5	1
1:A:50:GLU:OE1	1:A:50:GLU:C	0.43	2.57	5	1
1:A:49:ASP:HB2	1:A:54:ALA:HB2	0.43	1.91	2	1
1:A:17:LYS:H	1:A:48:HIS:N	0.43	2.12	1	1
1:A:52:ASN:C	1:A:53:GLU:HG2	0.43	2.34	3	1
1:A:63:MET:HA	1:A:75:ARG:CA	0.43	2.44	5	2
1:A:27:GLU:HB3	1:A:41:TYR:HB3	0.43	1.91	5	1
1:A:13:VAL:HG12	1:A:15:SER:O	0.43	2.13	1	1
1:A:72:LYS:O	1:A:73:ARG:HB2	0.43	2.13	3	1
1:A:7:LYS:HB3	1:A:65:THR:HA	0.42	1.90	4	1
1:A:9:TYR:N	1:A:63:MET:HG3	0.42	2.28	6	1
1:A:59:ILE:HB	1:A:81:GLU:HB2	0.42	1.91	6	1
1:A:71:THR:O	1:A:72:LYS:CB	0.42	2.65	5	1
1:A:47:ALA:HA	1:A:74:PHE:CZ	0.42	2.49	2	1
1:A:32:HIS:CE1	1:A:39:VAL:CG1	0.42	3.02	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:14:VAL:HG22	1:A:60:VAL:HG11	0.42	1.91	4	1
1:A:52:ASN:O	1:A:53:GLU:C	0.42	2.56	6	1
1:A:61:LYS:HB2	1:A:77:VAL:CB	0.42	2.43	6	1
1:A:60:VAL:HG22	1:A:78:GLU:CD	0.42	2.35	3	1
1:A:42:SER:OG	1:A:42:SER:O	0.42	2.37	4	1
1:A:60:VAL:HA	1:A:79:ILE:HG23	0.42	1.91	4	1
1:A:60:VAL:HG23	1:A:80:VAL:HG13	0.42	1.90	4	1
1:A:10:VAL:CG1	1:A:61:LYS:CD	0.42	2.96	4	1
1:A:15:SER:CB	1:A:56:VAL:CG1	0.42	2.94	5	1
1:A:21:THR:HG1	1:A:48:HIS:HA	0.42	1.73	5	1
1:A:9:TYR:CD2	1:A:45:TYR:HE2	0.42	2.32	5	1
1:A:11:GLY:C	1:A:60:VAL:CG1	0.42	2.79	2	1
1:A:26:VAL:O	1:A:45:TYR:CZ	0.42	2.72	5	1
1:A:69:SER:O	1:A:70:ALA:O	0.42	2.38	2	1
1:A:62:ILE:HD12	1:A:74:PHE:HB2	0.42	1.91	3	1
1:A:7:LYS:C	1:A:8:VAL:HG23	0.42	2.34	3	1
1:A:61:LYS:CD	1:A:77:VAL:CG1	0.42	2.97	4	2
1:A:26:VAL:HG23	1:A:45:TYR:HE1	0.42	1.73	1	1
1:A:31:LYS:HA	1:A:39:VAL:CG1	0.42	2.43	4	1
1:A:7:LYS:HA	1:A:7:LYS:CE	0.42	2.45	6	1
1:A:15:SER:HB2	1:A:56:VAL:HA	0.42	1.92	5	1
1:A:61:LYS:CD	1:A:77:VAL:HG12	0.42	2.45	5	1
1:A:81:GLU:O	1:A:81:GLU:CG	0.42	2.68	5	1
1:A:81:GLU:O	1:A:81:GLU:HG3	0.42	2.14	5	1
1:A:23:THR:HG22	1:A:24:VAL:HG12	0.42	1.91	1	1
1:A:32:HIS:HE2	1:A:36:GLY:N	0.42	2.13	3	1
1:A:49:ASP:CA	1:A:53:GLU:OE2	0.42	2.68	3	1
1:A:34:LEU:O	1:A:36:GLY:N	0.42	2.52	6	1
1:A:36:GLY:O	1:A:37:LYS:HD2	0.42	2.15	6	1
1:A:6:ARG:CG	1:A:6:ARG:NH1	0.42	2.80	2	1
1:A:16:ASP:OD2	1:A:46:LYS:C	0.42	2.57	1	1
1:A:61:LYS:C	1:A:62:ILE:HG13	0.42	2.35	1	1
1:A:21:THR:CB	1:A:48:HIS:CD2	0.42	3.02	4	1
1:A:62:ILE:CA	1:A:75:ARG:C	0.42	2.89	6	1
1:A:17:LYS:HA	1:A:48:HIS:HA	0.42	1.91	1	1
1:A:76:LEU:CD1	1:A:77:VAL:H	0.42	2.27	1	1
1:A:43:LYS:O	1:A:45:TYR:CE1	0.42	2.72	5	1
1:A:18:MET:CE	1:A:18:MET:HA	0.42	2.45	1	1
1:A:13:VAL:CG2	1:A:25:LEU:HB3	0.42	2.45	1	1
1:A:6:ARG:O	1:A:7:LYS:C	0.41	2.57	4	1
1:A:15:SER:HB2	1:A:57:GLY:N	0.41	2.29	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:76:LEU:HG	1:A:77:VAL:N	0.41	2.30	1	1
1:A:9:TYR:OH	1:A:62:ILE:HD11	0.41	2.15	1	1
1:A:22:ILE:O	1:A:46:LYS:CA	0.41	2.68	3	1
1:A:63:MET:C	1:A:64:GLU:HG2	0.41	2.34	3	1
1:A:41:TYR:O	1:A:42:SER:HB3	0.41	2.14	4	1
1:A:26:VAL:H	1:A:43:LYS:CA	0.41	2.29	4	1
1:A:42:SER:OG	1:A:43:LYS:N	0.41	2.53	5	1
1:A:80:VAL:HG13	1:A:81:GLU:N	0.41	2.30	1	1
1:A:30:LYS:HD3	1:A:38:ARG:O	0.41	2.16	3	1
1:A:32:HIS:CE1	1:A:36:GLY:HA2	0.41	2.50	3	1
1:A:35:TYR:C	1:A:37:LYS:N	0.41	2.74	6	1
1:A:55:LYS:O	1:A:56:VAL:O	0.41	2.39	5	1
1:A:17:LYS:HB2	1:A:55:LYS:O	0.41	2.15	2	1
1:A:25:LEU:CD2	1:A:44:LYS:CB	0.41	2.98	1	1
1:A:29:TYR:CD2	1:A:30:LYS:HB3	0.41	2.50	3	1
1:A:8:VAL:H	1:A:63:MET:HB2	0.41	1.73	3	1
1:A:79:ILE:CG1	1:A:80:VAL:N	0.41	2.83	3	1
1:A:11:GLY:N	1:A:61:LYS:CA	0.41	2.73	6	1
1:A:11:GLY:N	1:A:24:VAL:CG2	0.41	2.83	1	1
1:A:61:LYS:O	1:A:62:ILE:CG1	0.41	2.69	1	1
1:A:43:LYS:O	1:A:44:LYS:HB2	0.41	2.15	3	1
1:A:59:ILE:HG22	1:A:80:VAL:O	0.41	2.14	4	1
1:A:65:THR:HG23	1:A:74:PHE:CA	0.41	2.46	4	1
1:A:66:ARG:O	1:A:67:PRO:O	0.41	2.38	4	1
1:A:28:THR:OG1	1:A:29:TYR:N	0.41	2.52	5	1
1:A:14:VAL:HG21	1:A:60:VAL:C	0.41	2.36	5	1
1:A:60:VAL:HG12	1:A:79:ILE:CA	0.41	2.46	5	1
1:A:27:GLU:HB2	1:A:42:SER:OG	0.41	2.16	1	1
1:A:14:VAL:HG13	1:A:60:VAL:CB	0.41	2.46	1	1
1:A:9:TYR:OH	1:A:45:TYR:HB3	0.41	2.16	4	1
1:A:28:THR:O	1:A:41:TYR:HA	0.41	2.16	6	1
1:A:64:GLU:HG3	1:A:74:PHE:C	0.41	2.36	6	1
1:A:73:ARG:C	1:A:74:PHE:CG	0.41	2.93	6	1
1:A:29:TYR:O	1:A:39:VAL:HG21	0.41	2.16	3	1
1:A:70:ALA:O	1:A:71:THR:HB	0.41	2.15	3	1
1:A:14:VAL:HG23	1:A:60:VAL:HG11	0.41	1.85	4	1
1:A:71:THR:O	1:A:72:LYS:HB2	0.41	2.15	5	1
1:A:22:ILE:C	1:A:23:THR:OG1	0.41	2.55	2	1
1:A:24:VAL:HB	1:A:60:VAL:HG11	0.41	1.93	2	1
1:A:28:THR:HG23	1:A:40:LYS:CB	0.41	2.44	1	1
1:A:15:SER:HA	1:A:22:ILE:CB	0.41	2.46	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:28:THR:HG23	1:A:41:TYR:O	0.41	2.16	3	1
1:A:14:VAL:HG22	1:A:60:VAL:HG21	0.41	1.91	6	2
1:A:78:GLU:O	1:A:79:ILE:HG13	0.41	2.14	6	1
1:A:24:VAL:HG13	1:A:45:TYR:O	0.41	2.15	3	1
1:A:36:GLY:O	1:A:37:LYS:CD	0.41	2.68	6	1
1:A:29:TYR:CD2	1:A:39:VAL:HB	0.41	2.50	6	1
1:A:60:VAL:C	1:A:61:LYS:HG2	0.41	2.36	6	1
1:A:61:LYS:HD3	1:A:78:GLU:O	0.41	2.16	5	1
1:A:6:ARG:O	1:A:7:LYS:HG3	0.41	2.15	2	1
1:A:15:SER:HA	1:A:47:ALA:HB1	0.41	1.93	1	1
1:A:62:ILE:HG21	1:A:74:PHE:CE2	0.41	2.51	1	1
1:A:64:GLU:HG3	1:A:75:ARG:H	0.41	1.76	3	1
1:A:61:LYS:HD2	1:A:77:VAL:HB	0.41	1.92	4	1
1:A:23:THR:H	1:A:47:ALA:N	0.41	2.13	2	1
1:A:15:SER:O	1:A:23:THR:CB	0.40	2.65	6	1
1:A:25:LEU:HA	1:A:44:LYS:CG	0.40	2.45	6	1
1:A:18:MET:O	1:A:19:ASP:CB	0.40	2.68	5	1
1:A:25:LEU:CA	1:A:44:LYS:HA	0.40	2.45	1	1
1:A:18:MET:HG3	1:A:20:LYS:HB2	0.40	1.93	6	1
1:A:24:VAL:HG11	1:A:62:ILE:CG2	0.40	2.46	5	1
1:A:40:LYS:C	1:A:41:TYR:CD1	0.40	2.95	5	1
1:A:59:ILE:HB	1:A:80:VAL:HG13	0.40	1.94	5	1
1:A:8:VAL:O	1:A:65:THR:HA	0.40	2.16	5	1
1:A:63:MET:HG3	1:A:75:ARG:C	0.40	2.37	2	1
1:A:55:LYS:O	1:A:56:VAL:HB	0.40	2.15	1	1
1:A:15:SER:HA	1:A:22:ILE:CG2	0.40	2.41	3	1
1:A:62:ILE:HA	1:A:75:ARG:C	0.40	2.37	6	1
1:A:32:HIS:CE1	1:A:37:LYS:O	0.40	2.75	5	1
1:A:39:VAL:CG1	1:A:40:LYS:H	0.40	2.29	5	1
1:A:26:VAL:CB	1:A:45:TYR:CE1	0.40	3.04	5	1
1:A:15:SER:O	1:A:47:ALA:CB	0.40	2.69	1	1
1:A:60:VAL:HA	1:A:79:ILE:HG22	0.40	1.93	1	1
1:A:25:LEU:HB2	1:A:44:LYS:HD2	0.40	1.93	3	1
1:A:51:HIS:C	1:A:52:ASN:OD1	0.40	2.60	4	1
1:A:24:VAL:HG12	1:A:45:TYR:C	0.40	2.34	6	1
1:A:25:LEU:HG	1:A:44:LYS:HB3	0.40	1.93	6	1
1:A:12:ARG:HB3	1:A:25:LEU:HB2	0.40	1.93	5	1
1:A:29:TYR:C	1:A:41:TYR:O	0.40	2.60	2	1
1:A:51:HIS:O	1:A:52:ASN:HB3	0.40	2.16	2	1
1:A:27:GLU:HB3	1:A:41:TYR:C	0.40	2.35	1	1
1:A:13:VAL:CG1	1:A:56:VAL:HA	0.40	2.46	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:59:ILE:O	1:A:59:ILE:HG23	0.40	2.16	4	1
1:A:7:LYS:HB3	1:A:65:THR:CA	0.40	2.46	4	1
1:A:14:VAL:HG21	1:A:80:VAL:CG1	0.40	2.46	4	1
1:A:21:THR:OG1	1:A:48:HIS:HA	0.40	2.17	5	1
1:A:10:VAL:CG1	1:A:77:VAL:HB	0.40	2.46	5	1
1:A:8:VAL:CA	1:A:63:MET:CB	0.40	2.99	2	1
1:A:39:VAL:HG22	1:A:41:TYR:N	0.40	2.32	3	1
1:A:27:GLU:CB	1:A:43:LYS:H	0.40	2.29	3	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	78/81 (96%)	18±1 (22±2%)	16±3 (20±4%)	45±3 (58±4%)	0	0
All	All	468/486 (96%)	105 (22%)	93 (20%)	270 (58%)	0	0

All 69 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	77	VAL	6
1	A	21	THR	6
1	A	22	ILE	6
1	A	10	VAL	6
1	A	40	LYS	6
1	A	25	LEU	6
1	A	63	MET	6
1	A	79	ILE	6
1	A	34	LEU	6
1	A	41	TYR	6
1	A	23	THR	6
1	A	14	VAL	6
1	A	8	VAL	6
1	A	9	TYR	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	26	VAL	6
1	A	42	SER	6
1	A	80	VAL	6
1	A	47	ALA	6
1	A	39	VAL	6
1	A	24	VAL	6
1	A	28	THR	6
1	A	62	ILE	6
1	A	44	LYS	5
1	A	32	HIS	5
1	A	18	MET	5
1	A	17	LYS	5
1	A	76	LEU	5
1	A	54	ALA	5
1	A	27	GLU	5
1	A	56	VAL	5
1	A	55	LYS	5
1	A	29	TYR	5
1	A	51	HIS	5
1	A	57	GLY	4
1	A	13	VAL	4
1	A	72	LYS	4
1	A	78	GLU	4
1	A	81	GLU	4
1	A	58	ASP	4
1	A	33	PRO	4
1	A	61	LYS	4
1	A	16	ASP	4
1	A	12	ARG	3
1	A	35	TYR	3
1	A	70	ALA	3
1	A	83	ALA	3
1	A	7	LYS	3
1	A	19	ASP	3
1	A	60	VAL	2
1	A	67	PRO	2
1	A	6	ARG	2
1	A	38	ARG	2
1	A	69	SER	2
1	A	64	GLU	2
1	A	30	LYS	2
1	A	43	LYS	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	15	SER	1
1	A	37	LYS	1
1	A	46	LYS	1
1	A	45	TYR	1
1	A	71	THR	1
1	A	49	ASP	1
1	A	31	LYS	1
1	A	36	GLY	1
1	A	68	LEU	1
1	A	73	ARG	1
1	A	75	ARG	1
1	A	65	THR	1
1	A	48	HIS	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	71/74 (96%)	41±3 (58±5%)	30±3 (42±5%)	0 4
All	All	426/444 (96%)	247 (58%)	179 (42%)	0 4

All 59 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	25	LEU	6
1	A	78	GLU	6
1	A	30	LYS	6
1	A	16	ASP	6
1	A	32	HIS	5
1	A	24	VAL	5
1	A	31	LYS	5
1	A	50	GLU	5
1	A	79	ILE	5
1	A	15	SER	4
1	A	12	ARG	4
1	A	17	LYS	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	13	VAL	4
1	A	37	LYS	4
1	A	76	LEU	4
1	A	63	MET	4
1	A	74	PHE	4
1	A	64	GLU	4
1	A	81	GLU	4
1	A	20	LYS	4
1	A	53	GLU	3
1	A	44	LYS	3
1	A	19	ASP	3
1	A	10	VAL	3
1	A	45	TYR	3
1	A	40	LYS	3
1	A	75	ARG	3
1	A	34	LEU	3
1	A	7	LYS	3
1	A	6	ARG	3
1	A	22	ILE	3
1	A	68	LEU	3
1	A	69	SER	3
1	A	65	THR	3
1	A	62	ILE	3
1	A	60	VAL	2
1	A	18	MET	2
1	A	35	TYR	2
1	A	58	ASP	2
1	A	71	THR	2
1	A	49	ASP	2
1	A	52	ASN	2
1	A	38	ARG	2
1	A	9	TYR	2
1	A	73	ARG	2
1	A	55	LYS	2
1	A	39	VAL	2
1	A	26	VAL	2
1	A	48	HIS	2
1	A	56	VAL	2
1	A	51	HIS	2
1	A	28	THR	2
1	A	21	THR	1
1	A	46	LYS	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	27	GLU	1
1	A	80	VAL	1
1	A	72	LYS	1
1	A	66	ARG	1
1	A	82	LYS	1

6.3.3 RNA

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates

There are no carbohydrates in this entry.

6.6 Ligand geometry

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided