```
===== Model 1 =====
```

```
# Receptor interface residue(s):
        69A
                 4.902
ILE
        70A
                 2.550
SER
        71A
                 3.494
GLU
        72A
                 1.966
LYS
        73A
                 4.090
VAL
        93A
                 4.704
ASP
        95A
                 2.384
ALA
        97A
                 3.814
ASN
        98A
                 2.952
ASN
       115A
                 4.959
TYR
       116A
                 3.090
ALA
       117A
                 4.168
ASP
       118A
                 2.417
SER
       119A
                 3.612
ASN
       122A
                 1.562
ARG
       167A
                 3.378
TRP
       169A
                 3.536
ARG
       174A
                 4.002
GLN
       186A
                 4.784
       187A
PHE
                 3.339
SER
       188A
                 2.539
PHE
       189A
                 4.581
TYR
       190A
                 3.717
        70B
ILE
                 3.295
SER
        71B
                 3.856
LYS
        73B
                 3.670
ASP
        95B
                 2.790
ASN
        98B
                 2.008
TYR
       116B
                 3.103
ALA
       117B
                 3.825
ASP
       118B
                 2.535
SER
       119B
                 4.516
GLU
       121B
                 4.219
ASN
       122B
                 2.698
LYS
       125B
                 2.581
MET
                 4.975
       126B
PRO
                 4.414
       184B
SER
       185B
                 4.221
GLN
       186B
                 1.743
PHE
       187B
                 3.267
SER
       188B
                 3.243
ED0
       301A
                 3.229
# Ligand interface residue(s):
               1.966
G
       2A
G
       3A
               2.550
G
       4A
               2.645
G
               1.562
       5A
G
       6A
               2.417
G
       7A
               3.378
G
       88
               2.883
Т
       9Α
               2.539
Т
      10A
               3.339
Α
      11A
               1.743
Α
      12A
               3.243
Α
      13A
               2.949
Α
      14A
               2.008
      15A
               2.581
Α
# Receptor-ligand interface residue pair(s):
69A -
        9Α
                4.902
70A
        ЗА
                2.550
70A
        4Α
                4.675
70A
                4.088
        6A
70A
        8A
                2.952
70A
        9Α
                3.042
```

		4:01	
71A	_	3A	3.994
71A	_	9 <b>A</b>	4.792
			3.494
71A	_	10A	
72A	-	2A	1.966
72A	_	3A	3.238
73A	_	10A	4.090
93A	-	3A	4.704
95A	-	4A	2.645
95A	-	5A	2.384
95A	_	6A	3.292
97A	-	5A	3.814
98A	-	4A	4.827
98A	-	5A	2.952
115A	_	8A	4.959
116A		6A	3.166
	_		3.100
116A	-	8A	3.090
116A	-	9A	3.383
117A	_	6A	4.168
118A		5A	2.448
	_		
118A	-	6A	2.417
118A	-	8A	3.596
119A	_	5 <b>A</b>	3.612
122A		5 <b>A</b>	1.562
	_		
122A	-	6A	4.160
167A	-	7A	3.378
169A	_	7A	3.536
174A	_	7A	4.604
174A	-	8A	4.002
186A	-	10A	4.784
187A	_	9 <b>A</b>	3.708
187A	_	10A	3.339
	_		
188A	_	8A	2.883
188A	-	9A	2.539
189A	_	9 <b>A</b>	4.581
190A	_	7A	4.493
190A	_	8A	3.717
70B	-	12A	3.295
70B	_	13A	3.503
70B	_	14A	3.642
			3.856
71B	_	12A	
73B	-	8A	3.670
73B	-	9A	4.491
73B			
	_	11Δ	4.835
720	-	11A	4.835
73B	<del>-</del>	12A	4.497
73B 95B	-	12A 14A	4.497 2.790
	- - -	12A	4.497 2.790
95B 98B	- - - -	12A 14A 14A	4.497 2.790 2.008
95B 98B 98B	-	12A 14A 14A 15A	4.497 2.790 2.008 3.165
95B 98B 98B 116B	- - - - -	12A 14A 14A 15A 12A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884
95B 98B 98B 116B 116B	- - - - -	12A 14A 14A 15A 12A 13A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103
95B 98B 98B 116B		12A 14A 14A 15A 12A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884
95B 98B 98B 116B 116B 116B		12A 14A 14A 15A 12A 13A 14A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016
95B 98B 98B 116B 116B 116B 117B		12A 14A 14A 15A 12A 13A 14A 14A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825
95B 98B 98B 116B 116B 116B 117B 118B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 13A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949
95B 98B 98B 116B 116B 116B 117B 118B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 13A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 118B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 13A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 118B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 13A 14A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 119B 121B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 14A 14A 15A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 119B 121B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 14A 14A 15A 13A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 119B 121B 122B 122B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 14A 15A 15A 13A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 119B 121B 122B 122B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 14A 15A 14A 15A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 119B 121B 122B 122B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 14A 15A 15A 13A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 121B 122B 122B 122B 125B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 14A 15A 14A 15A 14A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 121B 122B 122B 122B 125B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 15A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733 2.581
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 122B 122B 122B 122B 125B 125B 126B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733 2.581 4.975
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 121B 122B 122B 122B 125B 125B 126B 126B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733 2.581 4.975 4.414
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 122B 122B 122B 122B 125B 125B 126B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733 2.581 4.975 4.414 4.583
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 121B 122B 122B 125B 125B 126B 126B 184B 185B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 16A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733 2.581 4.975 4.414 4.583
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 121B 122B 122B 125B 125B 126B 184B 185B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733 2.581 4.975 4.414 4.583 4.221
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 121B 122B 122B 125B 125B 125B 125B 125		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 16A 10A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733 2.581 4.975 4.414 4.583 4.221 3.730
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 119B 121B 122B 122B 125B 125B 125B 125B 125B 125B 126B 185B 185B 185B 186B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 16A 16A 10A 11A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733 2.581 4.975 4.414 4.583 4.221 3.730 1.743
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 118B 121B 122B 122B 125B 125B 125B 125B 125		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 16A 10A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733 2.581 4.975 4.414 4.583 4.221 3.730 1.743 3.712
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 119B 121B 122B 122B 125B 125B 125B 125B 125B 125B 126B 185B 185B 185B 186B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 10A 10A 11A 10A 11A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733 2.581 4.975 4.414 4.583 4.221 3.730 1.743 3.712
95B 98B 98B 116B 116B 117B 118B 119B 121B 122B 122B 125B 125B 125B 125B 125B 125B 125B 126B 185B 185B 186B 186B 186B		12A 14A 15A 12A 13A 14A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 15A 14A 16A 16A 10A 11A	4.497 2.790 2.008 3.165 4.884 3.103 4.016 3.825 2.949 2.535 4.516 4.219 4.717 2.698 2.899 4.733 2.581 4.975 4.414 4.583 4.221 3.730 1.743

188B - 11A 4.951 188B - 12A 3.243 301A - 4A 3.229 301A - 5A 3.325