



Full wwPDB NMR Structure Validation Report ⓘ

Apr 26, 2016 – 10:54 PM BST

PDB ID : 2KDY
Title : NMR structure of LP2086-B01
Authors : Mascioni, A.; Bentley, B.E.; Camarda, R.; Dilts, D.A.; Fink, P.; Gusarova, V.; Hoiseth, S.; Jacob, J.; Lin, S.L.; Malakian, K.; McNeil, L.K.; Mininni, T.; Moy, F.; Murphy, E.; Novikova, E.; Sigethy, S.; Wen, Y.; Zlotnick, G.W.; Tsao, D.H.H.
Deposited on : 2009-01-20

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
<http://wwpdb.org/validation/2016/NMRValidationReportHelp>
with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

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

Cyrange : Kirchner and Güntert (2011)
NmrClust : Kelley et al. (1996)
MolProbity : 4.02b-467
Mogul : unknown
Percentile statistics : 20151230.v01 (using entries in the PDB archive December 30th 2015)
RCI : v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV : Wang et al. (2010)
ShiftChecker : rb-20027457
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : rb-20027457

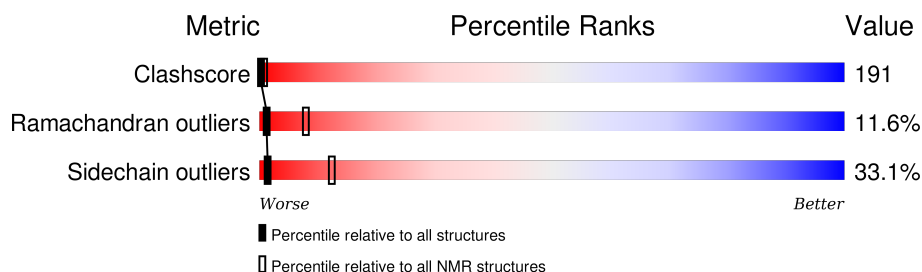
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

SOLUTION NMR

The overall completeness of chemical shifts assignment was not calculated.

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



Metric	Whole archive (#Entries)	NMR archive (#Entries)
Clashscore	114402	11133
Ramachandran outliers	111179	9975
Sidechain outliers	111093	9958

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the experimental data. The red, orange, yellow and green segments indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 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	261	

2 Ensemble composition and analysis

This entry contains 17 models. Model 5 is the overall representative, medoid model (most similar to other models). The authors have identified model 1 as representative, based on the following criterion: *lowest energy*.

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:19-A:122, A:129-A:190, A:195-A:261 (233)	1.00	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 2 clusters and 1 single-model cluster was found.

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

3 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 3847 atoms, of which 1900 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Factor H binding protein variant B01_001.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
1	A	261	Total	C	H	N	O	S	0
			3847	1203	1900	340	401	3	

There are 2 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	1	MET	-	EXPRESSION TAG	UNP Q6VRY4
A	2	GLY	-	EXPRESSION TAG	UNP Q6VRY4

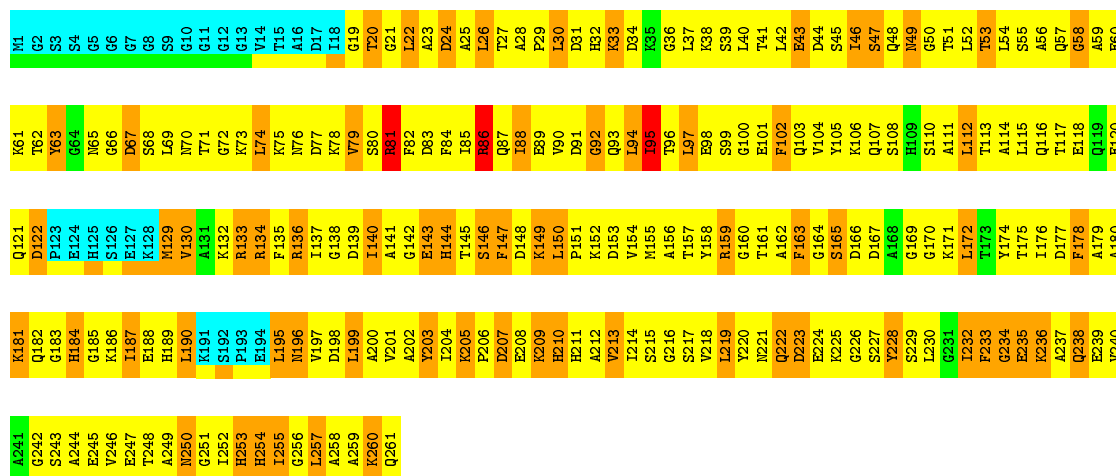
4 Residue-property plots

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: Factor H binding protein variant B01_001

Chain A: 



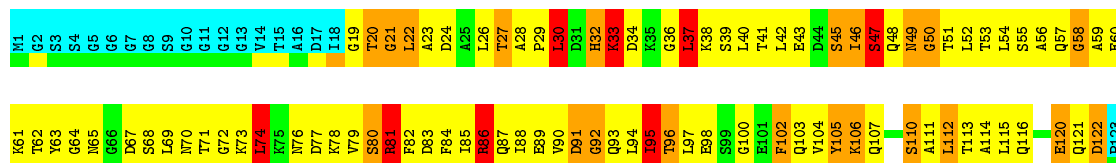
4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

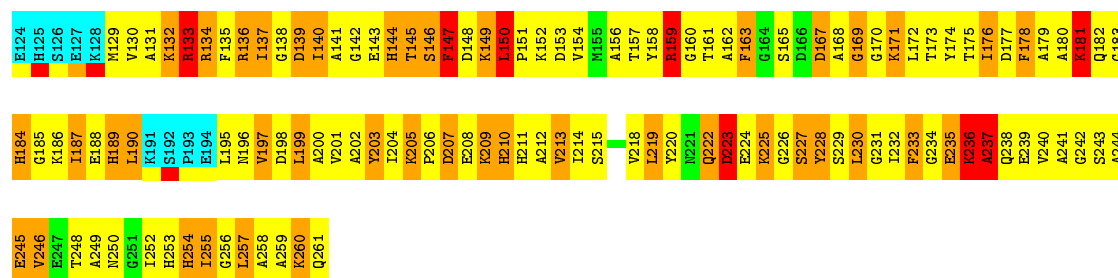
Colouring as in section 4.1 above.

4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001

Chain A: 

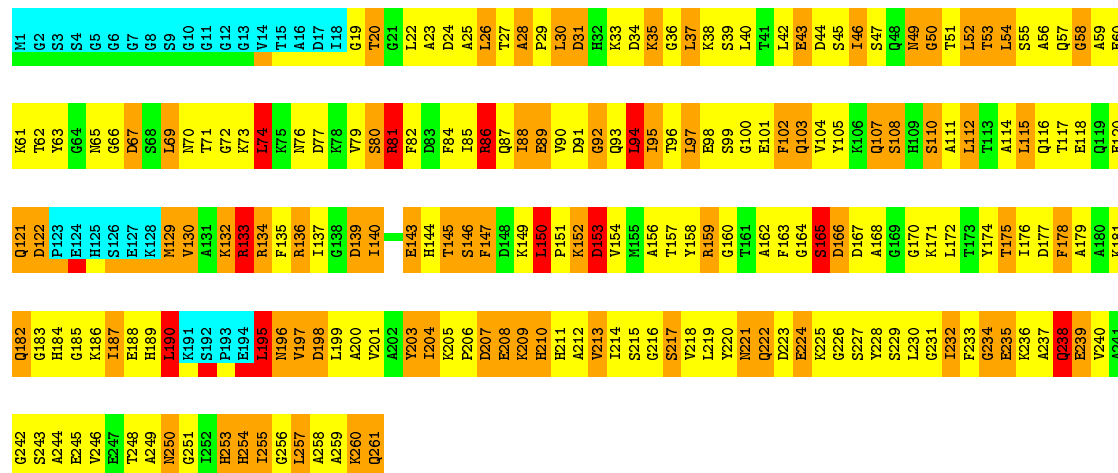




4.2.2 Score per residue for model 2

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001

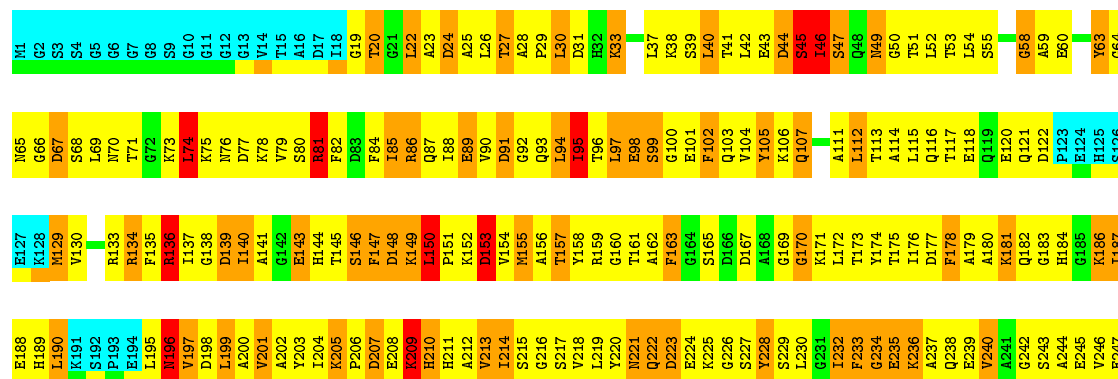
Chain A: 10% 46% 29% 11%



4.2.3 Score per residue for model 3

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001

Chain A: 10% 49% 26% 11%

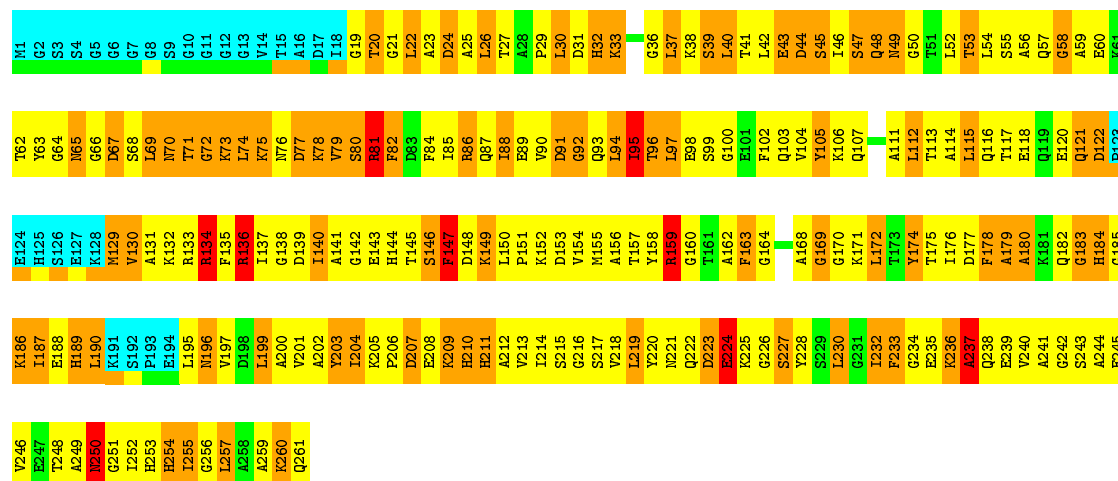




4.2.4 Score per residue for model 4

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001

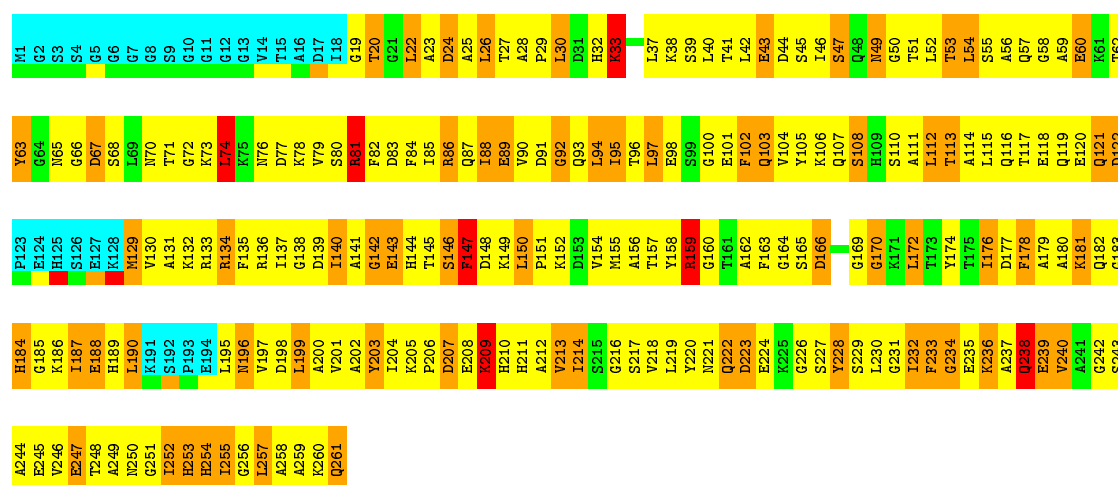
Chain A: 8% 46% 31% 11%



4.2.5 Score per residue for model 5 (medoid)

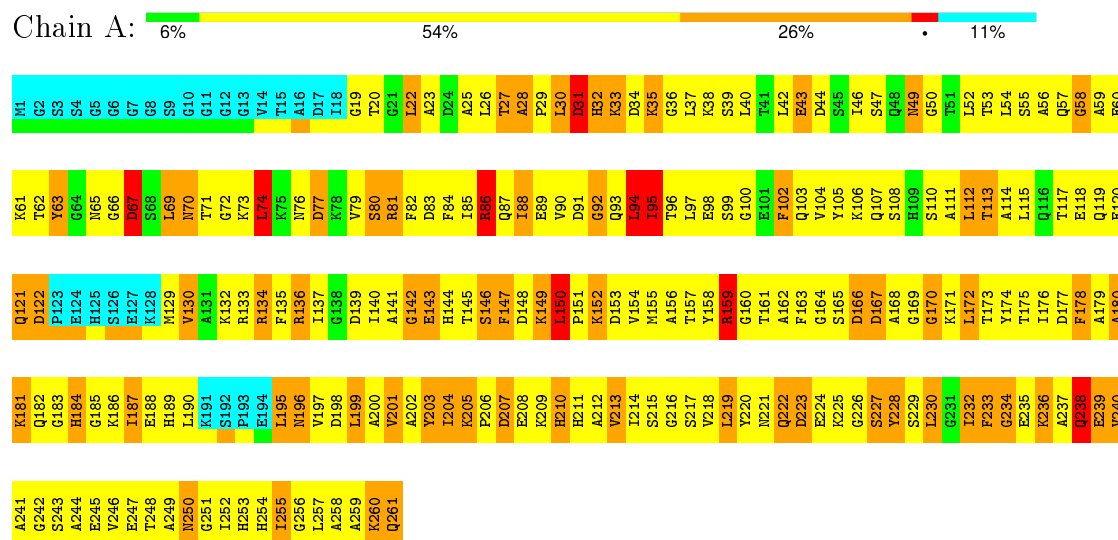
- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001

Chain A: 8% 53% 25% 11%



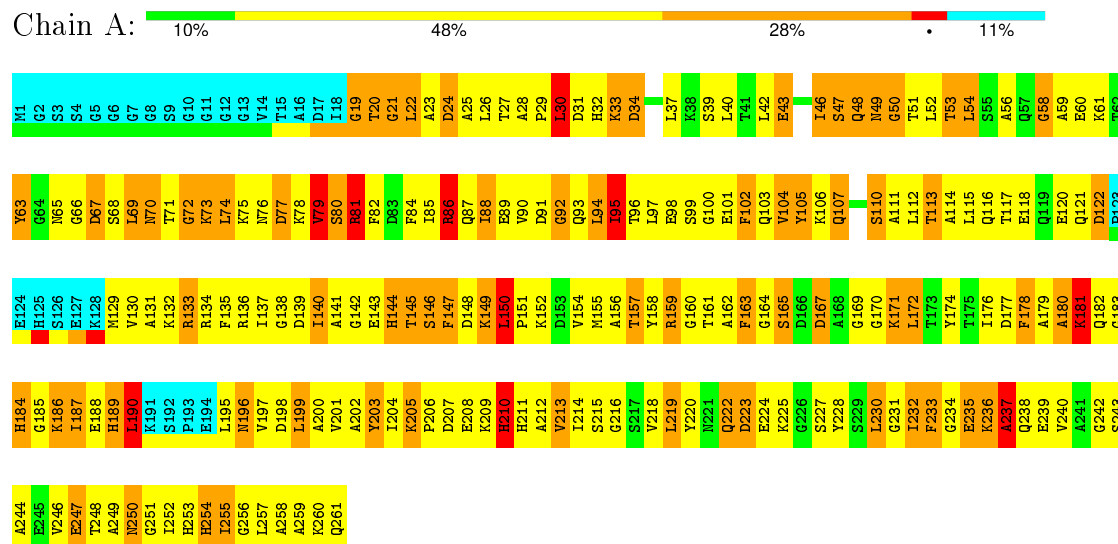
4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001



4.2.7 Score per residue for model 7

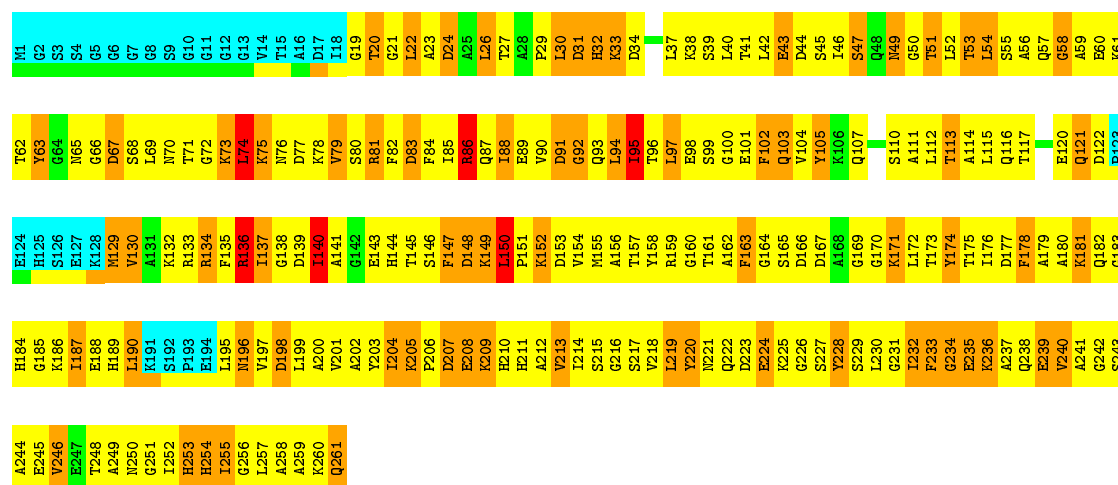
- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001



4.2.8 Score per residue for model 8

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001

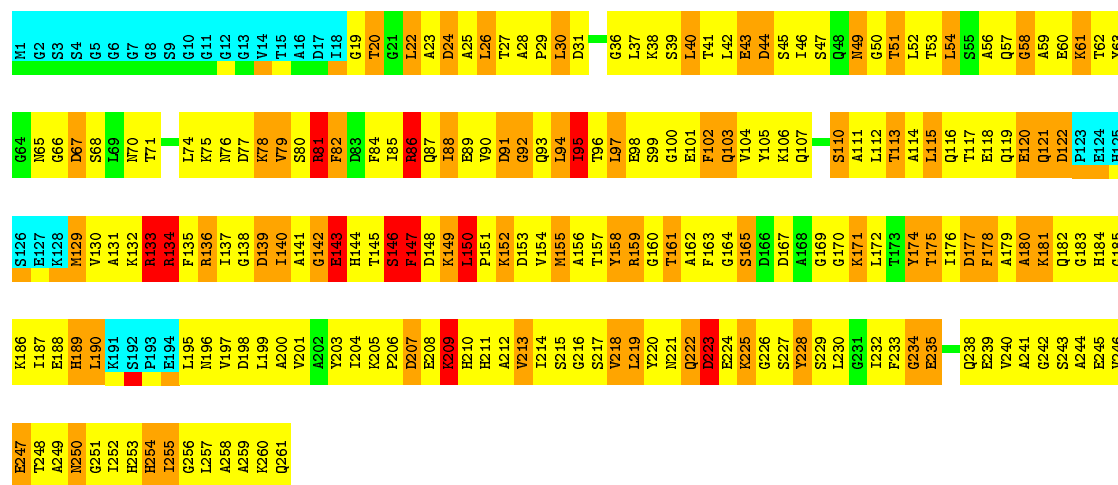




4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001

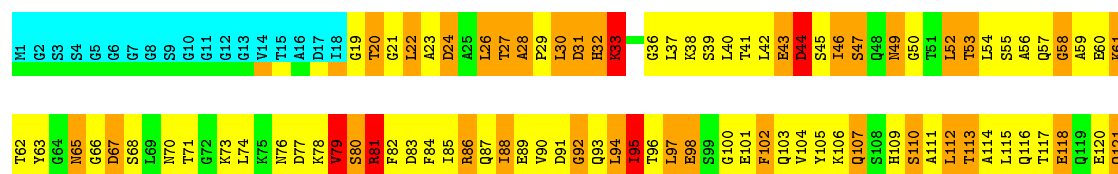
Chain A: 8% 52% 25% 11%

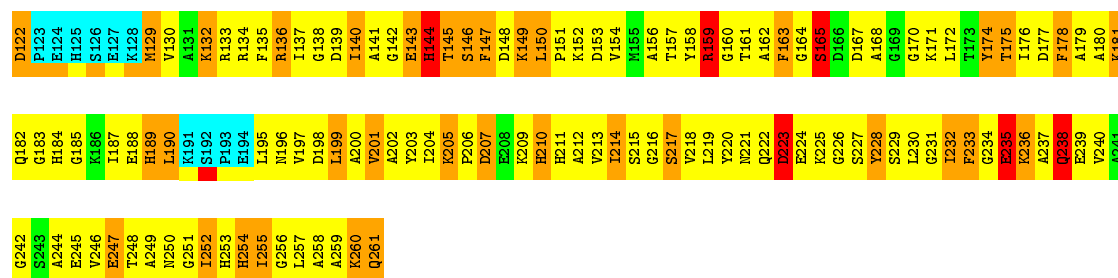


4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001

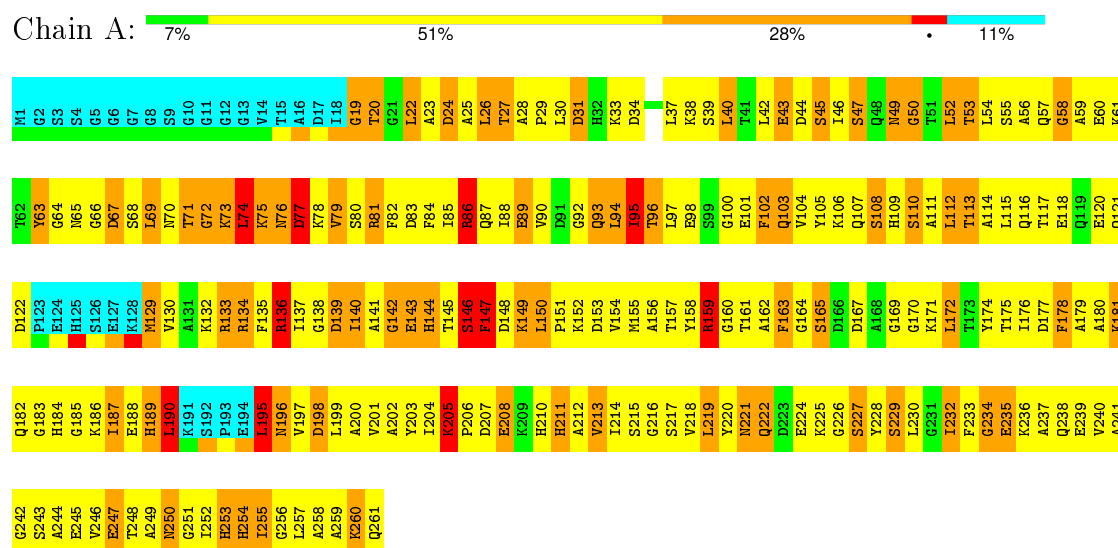
Chain A: 8% 51% 26% 11%





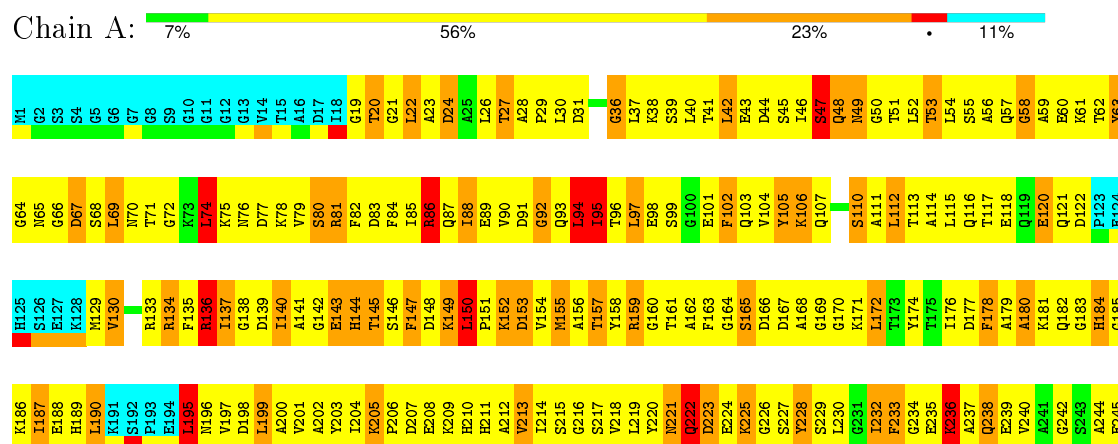
4.2.11 Score per residue for model 11

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001



4.2.12 Score per residue for model 12

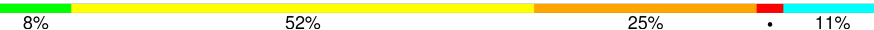
- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001

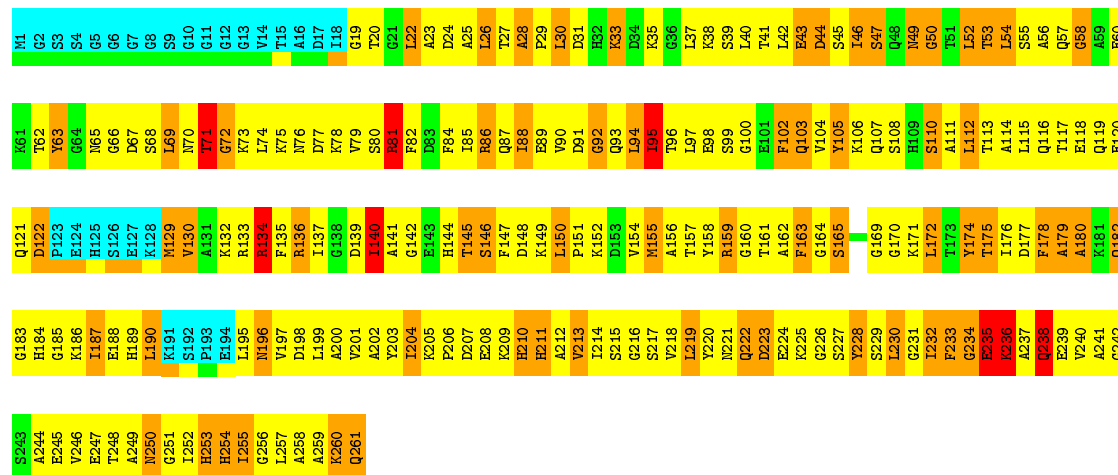


V246
E247
T248
A249
G250
G251
T252
H253
H254
T255
G256
L257
A258
A259
K260
Q261

4.2.13 Score per residue for model 13

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001

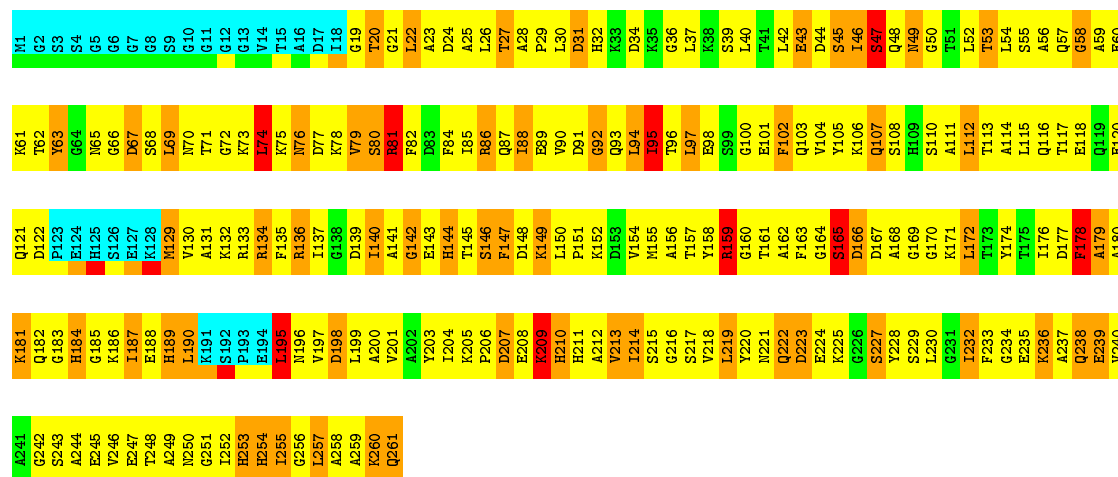
Chain A: 



4.2.14 Score per residue for model 14

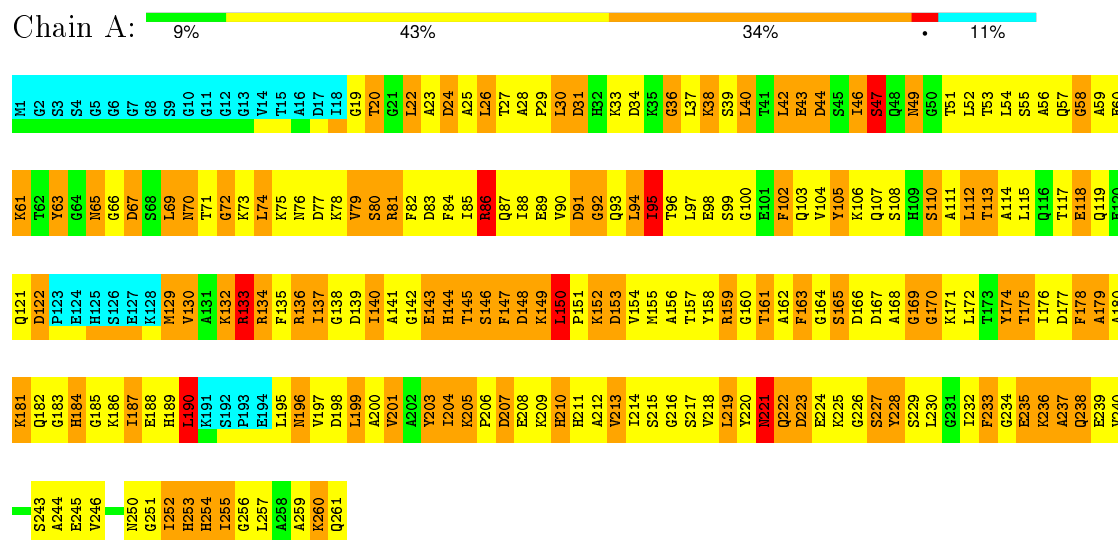
- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001

Chain A: 



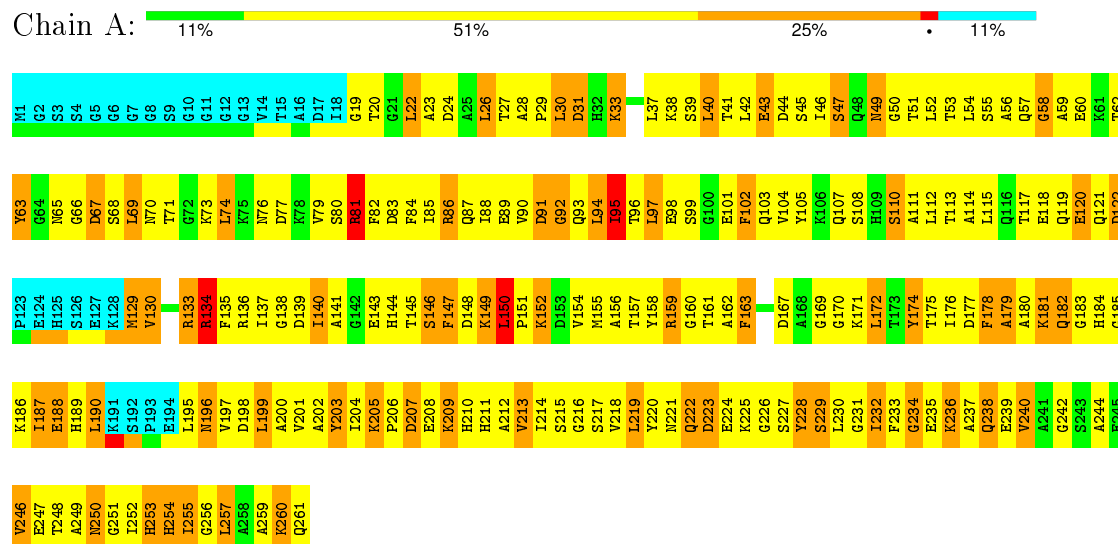
4.2.15 Score per residue for model 15

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001



4.2.16 Score per residue for model 16

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001



4.2.17 Score per residue for model 17

- Molecule 1: Factor H binding protein variant B01_001





5 Refinement protocol and experimental data overview ⓘ

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

Of the 100 calculated structures, 17 were deposited, based on the following criterion: *structures with the lowest energy*.

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

Software name	Classification	Version
CNS	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	1.03±0.00	0±0/1795 (0.0±0.0%)	1.25±0.00	0±0/2416 (0.0±0.0%)
All	All	1.03	0/30515 (0.0%)	1.25	6/41072 (0.0%)

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

Mol	Chain	Chirality	Planarity
1	A	0.0±0.0	6.0±0.0
All	All	0	102

There are no bond-length outliers.

All unique angle outliers are listed below.

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)	Models	
								Worst	Total
1	A	237	ALA	N-CA-CB	-5.68	102.15	110.10	4	6

There are no chirality outliers.

All unique planar outliers are listed below. They are sorted by the frequency of occurrence in the ensemble.

Mol	Chain	Res	Type	Group	Models (Total)
1	A	81	ARG	Sidechain	17
1	A	86	ARG	Sidechain	17
1	A	133	ARG	Sidechain	17
1	A	159	ARG	Sidechain	17
1	A	134	ARG	Sidechain	17
1	A	136	ARG	Sidechain	17

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	1769	1736	1736	669±33
All	All	30073	29512	29512	11366

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 191.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:147:PHE:CD1	1:A:212:ALA:HB2	1.25	1.66	4	15
1:A:141:ALA:HB3	1:A:144:HIS:CD2	1.21	1.70	12	2
1:A:26:LEU:HD23	1:A:54:LEU:CD1	1.19	1.67	14	6
1:A:199:LEU:CD2	1:A:218:VAL:HG22	1.17	1.68	11	6
1:A:141:ALA:HB1	1:A:233:PHE:CD2	1.16	1.75	1	4
1:A:199:LEU:HD22	1:A:228:TYR:CE1	1.16	1.75	6	1
1:A:199:LEU:HD22	1:A:228:TYR:CD2	1.16	1.75	3	5
1:A:174:TYR:CE1	1:A:199:LEU:HD23	1.15	1.77	16	2
1:A:145:THR:HG21	1:A:235:GLU:N	1.15	1.55	6	5
1:A:42:LEU:HD21	1:A:67:ASP:CB	1.14	1.73	11	3
1:A:190:LEU:CD1	1:A:195:LEU:HD22	1.13	1.70	17	4
1:A:230:LEU:HD11	1:A:257:LEU:CD1	1.13	1.73	1	6
1:A:152:LYS:O	1:A:179:ALA:HB3	1.13	1.43	16	3
1:A:158:TYR:CG	1:A:176:ILE:HD11	1.12	1.78	5	1
1:A:79:VAL:HG13	1:A:105:TYR:CE2	1.11	1.80	11	4
1:A:197:VAL:HG22	1:A:220:TYR:CG	1.11	1.78	12	3
1:A:172:LEU:CD2	1:A:259:ALA:HB2	1.10	1.76	6	2
1:A:197:VAL:HG21	1:A:224:GLU:OE1	1.10	1.47	11	2
1:A:41:THR:HG23	1:A:68:SER:OG	1.10	1.44	13	1
1:A:228:TYR:CE2	1:A:230:LEU:HD13	1.10	1.82	17	3
1:A:201:VAL:HG13	1:A:214:ILE:HG23	1.10	1.14	16	3
1:A:244:ALA:HB3	1:A:255:ILE:CD1	1.09	1.77	11	17
1:A:244:ALA:HB3	1:A:255:ILE:HD13	1.09	1.19	6	17
1:A:79:VAL:HG22	1:A:105:TYR:CE2	1.09	1.82	13	8
1:A:174:TYR:CE2	1:A:199:LEU:HD21	1.09	1.83	10	3
1:A:207:ASP:OD1	1:A:213:VAL:HG13	1.09	1.45	12	10
1:A:230:LEU:HD21	1:A:257:LEU:HD12	1.08	1.22	5	12

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:229:SER:C	1:A:230:LEU:HD12	1.08	1.68	15	11
1:A:147:PHE:CE1	1:A:212:ALA:HB2	1.08	1.83	7	6
1:A:187:ILE:HG21	1:A:218:VAL:CG1	1.08	1.79	9	5
1:A:174:TYR:CZ	1:A:199:LEU:HD21	1.08	1.82	10	4
1:A:201:VAL:HG22	1:A:216:GLY:N	1.07	1.62	12	6
1:A:87:GLN:OE1	1:A:97:LEU:HD23	1.07	1.50	10	5
1:A:232:ILE:HD12	1:A:240:VAL:CG2	1.07	1.79	13	1
1:A:79:VAL:HG11	1:A:161:THR:HG21	1.07	1.21	13	1
1:A:176:ILE:HG21	1:A:203:TYR:CD1	1.06	1.84	4	5
1:A:112:LEU:HD21	1:A:239:GLU:OE2	1.06	1.46	4	4
1:A:172:LEU:HD21	1:A:259:ALA:CB	1.06	1.78	6	1
1:A:26:LEU:HD22	1:A:54:LEU:HD11	1.06	1.11	4	7
1:A:197:VAL:CG1	1:A:218:VAL:HG12	1.06	1.80	9	7
1:A:203:TYR:CE1	1:A:214:ILE:HG23	1.06	1.84	11	2
1:A:190:LEU:HD11	1:A:195:LEU:HD22	1.05	1.23	17	3
1:A:201:VAL:HG11	1:A:214:ILE:HG23	1.05	1.17	15	8
1:A:140:ILE:HD12	1:A:141:ALA:N	1.05	1.65	11	3
1:A:199:LEU:HD21	1:A:218:VAL:HG22	1.05	1.24	8	5
1:A:187:ILE:HD13	1:A:228:TYR:OH	1.05	1.51	16	3
1:A:93:GLN:O	1:A:95:ILE:HD12	1.05	1.52	12	14
1:A:201:VAL:HG21	1:A:214:ILE:HG23	1.05	1.27	5	3
1:A:199:LEU:HD12	1:A:200:ALA:N	1.04	1.66	3	8
1:A:189:HIS:NE2	1:A:246:VAL:HG21	1.04	1.67	5	2
1:A:26:LEU:HD13	1:A:54:LEU:HD11	1.04	1.18	13	2
1:A:79:VAL:HG22	1:A:105:TYR:CE1	1.04	1.88	15	4
1:A:79:VAL:HG13	1:A:105:TYR:CD2	1.04	1.87	14	8
1:A:158:TYR:CD1	1:A:176:ILE:HD11	1.04	1.88	5	1
1:A:176:ILE:HD13	1:A:183:GLY:CA	1.04	1.83	14	1
1:A:112:LEU:HD21	1:A:239:GLU:CD	1.04	1.73	7	4
1:A:27:THR:OG1	1:A:59:ALA:HB3	1.04	1.53	9	12
1:A:199:LEU:HD13	1:A:228:TYR:CG	1.03	1.87	6	4
1:A:187:ILE:HD12	1:A:188:GLU:N	1.03	1.68	15	8
1:A:168:ALA:HB3	1:A:190:LEU:HD23	1.03	1.30	15	1
1:A:197:VAL:HG22	1:A:220:TYR:CD2	1.03	1.88	12	1
1:A:204:ILE:HD12	1:A:213:VAL:HG21	1.03	1.31	10	1
1:A:26:LEU:HD22	1:A:54:LEU:CD1	1.03	1.84	2	6
1:A:26:LEU:HD13	1:A:54:LEU:CD1	1.03	1.84	13	2
1:A:207:ASP:CG	1:A:213:VAL:HG13	1.03	1.73	6	11
1:A:176:ILE:HD13	1:A:183:GLY:HA2	1.03	1.26	14	1
1:A:201:VAL:HG21	1:A:228:TYR:CD2	1.03	1.88	2	3
1:A:46:ILE:HD12	1:A:64:GLY:C	1.03	1.73	1	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:230:LEU:HD23	1:A:242:GLY:N	1.02	1.69	1	12
1:A:95:ILE:O	1:A:97:LEU:HD12	1.02	1.54	17	15
1:A:150:LEU:HD23	1:A:151:PRO:CD	1.02	1.85	6	7
1:A:172:LEU:HD13	1:A:174:TYR:CE2	1.02	1.88	1	2
1:A:214:ILE:HD12	1:A:240:VAL:HG21	1.02	1.23	16	1
1:A:172:LEU:O	1:A:172:LEU:HD12	1.02	1.54	17	2
1:A:201:VAL:HG13	1:A:215:SER:C	1.02	1.74	14	9
1:A:197:VAL:HG13	1:A:219:LEU:C	1.02	1.74	10	7
1:A:210:HIS:CE1	1:A:211:HIS:HE2	1.02	1.72	8	4
1:A:156:ALA:HB1	1:A:158:TYR:OH	1.02	1.53	10	1
1:A:24:ASP:O	1:A:28:ALA:HB3	1.01	1.54	17	10
1:A:26:LEU:HD23	1:A:54:LEU:HD11	1.01	1.30	3	4
1:A:30:LEU:HD21	1:A:39:SER:HB3	1.01	1.27	6	1
1:A:199:LEU:HD12	1:A:218:VAL:HG13	1.01	1.25	7	1
1:A:172:LEU:HD13	1:A:174:TYR:CZ	1.01	1.90	1	1
1:A:145:THR:HG21	1:A:235:GLU:CA	1.01	1.86	5	3
1:A:26:LEU:CD2	1:A:54:LEU:HD11	1.00	1.86	15	11
1:A:156:ALA:HB2	1:A:178:PHE:CE2	1.00	1.91	17	4
1:A:196:ASN:O	1:A:197:VAL:HG23	1.00	1.56	1	4
1:A:251:GLY:C	1:A:252:ILE:HD12	1.00	1.77	8	4
1:A:201:VAL:HG12	1:A:215:SER:C	1.00	1.76	6	1
1:A:88:ILE:HD12	1:A:96:THR:HB	1.00	1.31	2	5
1:A:232:ILE:HG13	1:A:240:VAL:HG23	1.00	1.31	15	2
1:A:199:LEU:HD13	1:A:199:LEU:N	1.00	1.71	7	1
1:A:172:LEU:CD2	1:A:257:LEU:HD22	0.99	1.85	1	4
1:A:20:THR:HG22	1:A:57:GLN:O	0.99	1.57	15	9
1:A:70:ASN:O	1:A:71:THR:HG23	0.99	1.57	13	2
1:A:230:LEU:HD21	1:A:257:LEU:CD1	0.99	1.87	8	10
1:A:42:LEU:HD21	1:A:67:ASP:HB3	0.99	1.29	11	3
1:A:79:VAL:HG22	1:A:105:TYR:CZ	0.99	1.92	3	7
1:A:42:LEU:HD12	1:A:43:GLU:O	0.99	1.58	6	3
1:A:212:ALA:HB3	1:A:232:ILE:O	0.98	1.56	13	12
1:A:39:SER:C	1:A:40:LEU:HD12	0.98	1.79	12	2
1:A:150:LEU:O	1:A:150:LEU:HD12	0.98	1.58	4	5
1:A:90:VAL:HG23	1:A:94:LEU:O	0.98	1.58	3	1
1:A:212:ALA:CB	1:A:232:ILE:HG23	0.98	1.89	9	7
1:A:71:THR:CB	1:A:74:LEU:HD21	0.98	1.89	16	2
1:A:147:PHE:CD1	1:A:150:LEU:HD11	0.98	1.94	2	1
1:A:187:ILE:HG23	1:A:197:VAL:HG23	0.97	1.33	17	3
1:A:63:TYR:OH	1:A:69:LEU:HD12	0.97	1.56	1	3
1:A:232:ILE:HB	1:A:240:VAL:HG22	0.97	1.32	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:HD23	1:A:63:TYR:CD1	0.97	1.93	5	11
1:A:158:TYR:CE2	1:A:232:ILE:HD13	0.97	1.95	14	1
1:A:174:TYR:CE2	1:A:199:LEU:HD13	0.97	1.93	8	1
1:A:85:ILE:HG23	1:A:98:GLU:O	0.97	1.60	16	5
1:A:42:LEU:HD12	1:A:67:ASP:O	0.97	1.60	12	4
1:A:199:LEU:HD21	1:A:218:VAL:CG2	0.97	1.90	11	5
1:A:185:GLY:O	1:A:199:LEU:HD22	0.97	1.59	7	1
1:A:22:LEU:N	1:A:22:LEU:HD13	0.97	1.75	1	1
1:A:74:LEU:HD21	1:A:78:LYS:HG2	0.97	1.37	4	1
1:A:52:LEU:HD13	1:A:84:PHE:CD2	0.96	1.94	1	1
1:A:19:GLY:O	1:A:22:LEU:HD23	0.96	1.58	8	13
1:A:197:VAL:HG11	1:A:218:VAL:HG12	0.96	1.38	9	6
1:A:137:ILE:HD12	1:A:137:ILE:O	0.96	1.60	16	1
1:A:190:LEU:HD21	1:A:195:LEU:CB	0.96	1.91	4	3
1:A:246:VAL:HG12	1:A:253:HIS:CD2	0.96	1.95	3	5
1:A:112:LEU:CD1	1:A:258:ALA:HB1	0.96	1.91	17	6
1:A:145:THR:HG23	1:A:211:HIS:CG	0.96	1.96	17	2
1:A:152:LYS:O	1:A:154:VAL:N	0.96	1.98	15	5
1:A:152:LYS:O	1:A:154:VAL:HG12	0.96	1.60	3	2
1:A:149:LYS:CD	1:A:150:LEU:HD23	0.96	1.91	14	2
1:A:141:ALA:HB1	1:A:233:PHE:CZ	0.95	1.95	14	1
1:A:145:THR:HG21	1:A:234:GLY:C	0.95	1.82	3	5
1:A:30:LEU:HD12	1:A:31:ASP:N	0.95	1.75	6	1
1:A:231:GLY:O	1:A:240:VAL:HG23	0.95	1.61	2	3
1:A:167:ASP:OD2	1:A:190:LEU:HD11	0.95	1.61	1	1
1:A:112:LEU:HD12	1:A:258:ALA:HB1	0.95	1.34	3	2
1:A:141:ALA:HB1	1:A:233:PHE:CE1	0.95	1.97	14	2
1:A:176:ILE:HG23	1:A:182:GLN:O	0.95	1.58	15	5
1:A:212:ALA:HB3	1:A:232:ILE:HG23	0.95	1.36	9	6
1:A:244:ALA:O	1:A:255:ILE:HD12	0.94	1.62	3	15
1:A:88:ILE:HD12	1:A:88:ILE:N	0.94	1.77	1	1
1:A:195:LEU:N	1:A:195:LEU:HD12	0.94	1.74	10	8
1:A:147:PHE:CG	1:A:212:ALA:HB2	0.94	1.96	16	9
1:A:172:LEU:HD21	1:A:259:ALA:HB2	0.94	0.99	6	2
1:A:26:LEU:HD23	1:A:54:LEU:HD12	0.94	1.36	14	3
1:A:103:GLN:HB3	1:A:114:ALA:HB3	0.94	1.38	2	8
1:A:111:ALA:C	1:A:112:LEU:HD23	0.93	1.84	4	4
1:A:228:TYR:OH	1:A:257:LEU:HD22	0.93	1.64	8	2
1:A:174:TYR:CE1	1:A:199:LEU:HD13	0.93	1.99	2	5
1:A:172:LEU:HD12	1:A:174:TYR:CE1	0.93	1.98	3	3
1:A:35:LYS:O	1:A:40:LEU:HD11	0.93	1.61	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:199:LEU:HD11	1:A:228:TYR:CZ	0.93	1.99	9	3
1:A:111:ALA:O	1:A:140:ILE:HG22	0.92	1.63	15	4
1:A:232:ILE:CG1	1:A:240:VAL:HG23	0.92	1.94	15	2
1:A:85:ILE:HG22	1:A:87:GLN:CG	0.92	1.95	15	5
1:A:176:ILE:HG21	1:A:203:TYR:CE1	0.92	1.99	4	7
1:A:97:LEU:N	1:A:97:LEU:HD12	0.92	1.80	3	1
1:A:190:LEU:HD11	1:A:195:LEU:HB2	0.92	1.37	16	4
1:A:30:LEU:HD22	1:A:38:LYS:CB	0.92	1.95	6	1
1:A:197:VAL:HG13	1:A:219:LEU:O	0.92	1.63	15	4
1:A:158:TYR:CE1	1:A:240:VAL:HG12	0.91	2.00	9	2
1:A:176:ILE:HD12	1:A:183:GLY:CA	0.91	1.95	11	1
1:A:79:VAL:CG1	1:A:161:THR:HG21	0.91	1.95	13	1
1:A:181:LYS:HD2	1:A:202:ALA:HB1	0.91	1.42	7	1
1:A:172:LEU:HD13	1:A:257:LEU:HB3	0.91	1.42	14	1
1:A:218:VAL:HG21	1:A:228:TYR:CD1	0.91	2.00	16	2
1:A:162:ALA:CB	1:A:257:LEU:HD23	0.91	1.96	5	16
1:A:187:ILE:HG21	1:A:218:VAL:HG11	0.91	1.42	4	4
1:A:179:ALA:HB1	1:A:205:LYS:HG3	0.91	1.42	2	1
1:A:30:LEU:HD21	1:A:39:SER:CB	0.91	1.95	6	1
1:A:140:ILE:O	1:A:140:ILE:HD13	0.91	1.65	7	8
1:A:79:VAL:HG22	1:A:105:TYR:CD2	0.91	2.01	13	5
1:A:172:LEU:HD11	1:A:259:ALA:CB	0.91	1.95	2	4
1:A:162:ALA:HB3	1:A:170:GLY:O	0.91	1.65	17	5
1:A:201:VAL:HG22	1:A:215:SER:C	0.91	1.86	12	5
1:A:39:SER:O	1:A:40:LEU:HD12	0.91	1.66	1	3
1:A:199:LEU:HD22	1:A:228:TYR:CG	0.91	2.00	3	3
1:A:88:ILE:HD12	1:A:96:THR:CB	0.91	1.96	5	2
1:A:151:PRO:CB	1:A:179:ALA:HB2	0.91	1.96	14	3
1:A:30:LEU:HD22	1:A:38:LYS:HB2	0.91	1.40	6	1
1:A:172:LEU:HD11	1:A:259:ALA:HB2	0.90	1.42	11	3
1:A:203:TYR:CE1	1:A:212:ALA:HB1	0.90	2.01	1	2
1:A:112:LEU:HD23	1:A:140:ILE:HD12	0.90	1.43	8	2
1:A:26:LEU:CD1	1:A:54:LEU:HD11	0.90	1.94	13	1
1:A:176:ILE:N	1:A:176:ILE:HD12	0.90	1.82	6	1
1:A:141:ALA:HB1	1:A:233:PHE:CG	0.90	2.00	1	1
1:A:199:LEU:HD11	1:A:201:VAL:HG22	0.90	1.43	6	1
1:A:201:VAL:HG11	1:A:214:ILE:CG2	0.90	1.96	17	9
1:A:28:ALA:HB3	1:A:70:ASN:CB	0.90	1.97	2	1
1:A:201:VAL:CG1	1:A:214:ILE:HG23	0.90	1.95	7	10
1:A:90:VAL:HG11	1:A:93:GLN:CD	0.90	1.87	10	13
1:A:203:TYR:OH	1:A:232:ILE:HD13	0.90	1.65	7	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:159:ARG:C	1:A:259:ALA:HB1	0.90	1.86	6	8
1:A:230:LEU:HD21	1:A:257:LEU:CB	0.89	1.97	15	1
1:A:150:LEU:HD22	1:A:235:GLU:HG2	0.89	1.42	1	1
1:A:79:VAL:HG12	1:A:104:VAL:O	0.89	1.67	15	2
1:A:176:ILE:CD1	1:A:201:VAL:HG11	0.89	1.96	7	1
1:A:174:TYR:OH	1:A:257:LEU:HD22	0.89	1.66	6	1
1:A:49:ASN:CB	1:A:88:ILE:HD11	0.89	1.98	17	2
1:A:116:GLN:HG2	1:A:168:ALA:HB2	0.89	1.44	2	1
1:A:141:ALA:HB1	1:A:233:PHE:CE2	0.89	2.03	9	4
1:A:150:LEU:HD21	1:A:178:PHE:CE1	0.89	2.01	12	1
1:A:137:ILE:HD12	1:A:137:ILE:C	0.89	1.87	1	1
1:A:187:ILE:HG23	1:A:197:VAL:CG2	0.89	1.98	17	2
1:A:88:ILE:N	1:A:88:ILE:HD12	0.89	1.83	3	1
1:A:197:VAL:HG22	1:A:220:TYR:HB2	0.88	1.45	10	6
1:A:199:LEU:HB2	1:A:218:VAL:HG22	0.88	1.43	16	3
1:A:176:ILE:HG21	1:A:203:TYR:CD2	0.88	2.02	11	1
1:A:176:ILE:HG23	1:A:183:GLY:CA	0.88	1.98	6	6
1:A:218:VAL:C	1:A:219:LEU:HD12	0.88	1.88	3	5
1:A:159:ARG:O	1:A:259:ALA:HB1	0.88	1.68	6	5
1:A:199:LEU:HD22	1:A:228:TYR:CE2	0.88	2.03	10	5
1:A:247:GLU:HG3	1:A:252:ILE:HG23	0.88	1.44	7	3
1:A:137:ILE:HD13	1:A:137:ILE:O	0.88	1.67	8	1
1:A:190:LEU:HD11	1:A:195:LEU:CD2	0.88	1.99	17	2
1:A:140:ILE:HD13	1:A:140:ILE:O	0.88	1.69	15	3
1:A:153:ASP:HB3	1:A:180:ALA:HB2	0.88	1.42	3	2
1:A:246:VAL:HG12	1:A:253:HIS:NE2	0.88	1.84	3	4
1:A:112:LEU:N	1:A:112:LEU:HD23	0.88	1.84	1	4
1:A:147:PHE:CE2	1:A:203:TYR:CE2	0.88	2.62	17	4
1:A:197:VAL:HG12	1:A:218:VAL:HG12	0.88	1.44	15	4
1:A:156:ALA:HB2	1:A:178:PHE:CZ	0.88	2.04	16	5
1:A:161:THR:HG23	1:A:170:GLY:O	0.88	1.70	6	3
1:A:85:ILE:HG23	1:A:99:SER:OG	0.87	1.68	6	2
1:A:112:LEU:HD11	1:A:239:GLU:OE2	0.87	1.69	10	2
1:A:102:PHE:CZ	1:A:115:LEU:HD21	0.87	2.05	7	8
1:A:232:ILE:HD12	1:A:240:VAL:HG23	0.87	1.44	13	1
1:A:149:LYS:HD3	1:A:150:LEU:HD23	0.87	1.44	14	2
1:A:147:PHE:CZ	1:A:203:TYR:CZ	0.87	2.62	1	1
1:A:135:PHE:CE1	1:A:254:HIS:CE1	0.87	2.63	11	4
1:A:210:HIS:CD2	1:A:211:HIS:CE1	0.87	2.63	9	2
1:A:135:PHE:CE2	1:A:163:PHE:CD2	0.87	2.63	15	1
1:A:135:PHE:CG	1:A:163:PHE:CZ	0.87	2.63	13	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:42:LEU:HD21	1:A:67:ASP:HB2	0.87	1.44	6	3
1:A:135:PHE:CD1	1:A:163:PHE:CE1	0.87	2.62	5	1
1:A:46:ILE:HG22	1:A:49:ASN:ND2	0.87	1.85	1	1
1:A:88:ILE:HG21	1:A:94:LEU:HD22	0.87	1.44	1	2
1:A:147:PHE:CD2	1:A:203:TYR:CE1	0.87	2.62	1	2
1:A:207:ASP:CA	1:A:213:VAL:HG22	0.87	1.99	1	11
1:A:174:TYR:CZ	1:A:199:LEU:HD13	0.87	2.04	8	4
1:A:82:PHE:CZ	1:A:102:PHE:CD2	0.87	2.62	3	8
1:A:248:THR:HG22	1:A:251:GLY:O	0.87	1.68	4	3
1:A:178:PHE:CE2	1:A:180:ALA:HB3	0.86	2.05	11	2
1:A:147:PHE:CE2	1:A:203:TYR:CE1	0.86	2.62	7	2
1:A:230:LEU:HD21	1:A:257:LEU:HB2	0.86	1.48	1	10
1:A:135:PHE:CZ	1:A:254:HIS:CE1	0.86	2.62	11	3
1:A:204:ILE:O	1:A:213:VAL:HG23	0.86	1.69	4	3
1:A:147:PHE:CG	1:A:178:PHE:CZ	0.86	2.62	7	1
1:A:176:ILE:CD1	1:A:214:ILE:HD11	0.86	2.00	10	5
1:A:82:PHE:CZ	1:A:102:PHE:CG	0.86	2.62	9	9
1:A:135:PHE:CD2	1:A:163:PHE:CZ	0.86	2.62	13	2
1:A:172:LEU:C	1:A:172:LEU:HD12	0.86	1.91	1	3
1:A:152:LYS:O	1:A:180:ALA:HB3	0.86	1.69	8	2
1:A:195:LEU:HD12	1:A:195:LEU:N	0.86	1.85	4	3
1:A:42:LEU:HD23	1:A:42:LEU:N	0.86	1.85	15	1
1:A:201:VAL:CG2	1:A:214:ILE:HD12	0.86	2.01	5	1
1:A:88:ILE:HD13	1:A:95:ILE:CG2	0.86	2.00	3	1
1:A:187:ILE:HG23	1:A:197:VAL:HB	0.86	1.47	4	4
1:A:37:LEU:HD13	1:A:38:LYS:HG2	0.86	1.47	6	2
1:A:26:LEU:N	1:A:26:LEU:HD12	0.86	1.86	6	3
1:A:197:VAL:HG13	1:A:220:TYR:HB3	0.86	1.45	12	1
1:A:172:LEU:N	1:A:172:LEU:HD23	0.85	1.86	16	3
1:A:177:ASP:OD1	1:A:180:ALA:HB3	0.85	1.71	15	2
1:A:199:LEU:CD2	1:A:218:VAL:HG13	0.85	2.00	2	2
1:A:176:ILE:HG22	1:A:184:HIS:N	0.85	1.86	3	3
1:A:150:LEU:HD23	1:A:151:PRO:CG	0.85	2.01	6	3
1:A:147:PHE:CD2	1:A:203:TYR:CE2	0.85	2.65	5	6
1:A:96:THR:O	1:A:97:LEU:HD12	0.85	1.70	6	15
1:A:145:THR:HG23	1:A:233:PHE:HB3	0.85	1.49	2	1
1:A:157:THR:HG23	1:A:174:TYR:O	0.85	1.72	11	1
1:A:197:VAL:HG22	1:A:220:TYR:CB	0.85	2.02	12	6
1:A:42:LEU:HD13	1:A:67:ASP:HB3	0.85	1.47	7	2
1:A:230:LEU:HD11	1:A:257:LEU:HD13	0.85	1.48	1	2
1:A:93:GLN:OE1	1:A:94:LEU:HD12	0.85	1.71	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:224:GLU:HG2	1:A:246:VAL:HG21	0.85	1.47	13	1
1:A:201:VAL:HG13	1:A:216:GLY:N	0.85	1.87	14	3
1:A:115:LEU:HD12	1:A:115:LEU:C	0.84	1.91	9	3
1:A:138:GLY:O	1:A:140:ILE:HG23	0.84	1.72	11	1
1:A:20:THR:HG23	1:A:57:GLN:CD	0.84	1.92	14	1
1:A:162:ALA:HB2	1:A:172:LEU:HD22	0.84	1.49	14	3
1:A:141:ALA:HB3	1:A:144:HIS:CG	0.84	2.06	12	3
1:A:106:LYS:CD	1:A:111:ALA:HB2	0.84	2.01	6	1
1:A:54:LEU:HD13	1:A:82:PHE:CD1	0.84	2.07	7	2
1:A:199:LEU:HD22	1:A:228:TYR:CZ	0.84	2.07	6	1
1:A:79:VAL:HG13	1:A:105:TYR:CG	0.84	2.08	15	3
1:A:158:TYR:CE2	1:A:232:ILE:HG21	0.84	2.07	1	1
1:A:84:PHE:CE1	1:A:102:PHE:CD2	0.84	2.65	1	1
1:A:199:LEU:CG	1:A:218:VAL:HG13	0.83	2.03	17	2
1:A:74:LEU:HD12	1:A:78:LYS:HB2	0.83	1.46	9	2
1:A:147:PHE:CZ	1:A:178:PHE:CE1	0.83	2.66	7	1
1:A:103:GLN:CB	1:A:114:ALA:HB3	0.83	2.01	12	8
1:A:197:VAL:HG12	1:A:219:LEU:C	0.83	1.94	17	2
1:A:106:LYS:HD2	1:A:111:ALA:HB2	0.83	1.49	6	1
1:A:176:ILE:HG21	1:A:203:TYR:CZ	0.83	2.09	2	2
1:A:176:ILE:HD13	1:A:203:TYR:CZ	0.83	2.08	9	1
1:A:156:ALA:CB	1:A:178:PHE:CZ	0.83	2.61	3	2
1:A:189:HIS:CE1	1:A:255:ILE:CG2	0.83	2.62	11	2
1:A:116:GLN:OE1	1:A:168:ALA:HB1	0.83	1.73	14	1
1:A:165:SER:CB	1:A:254:HIS:CD2	0.83	2.62	13	6
1:A:178:PHE:CD2	1:A:180:ALA:HB3	0.83	2.09	10	2
1:A:23:ALA:HB1	1:A:59:ALA:N	0.83	1.89	16	4
1:A:150:LEU:HD22	1:A:235:GLU:CG	0.83	2.04	1	1
1:A:178:PHE:CZ	1:A:180:ALA:HB2	0.83	2.09	4	1
1:A:179:ALA:HB1	1:A:205:LYS:HD2	0.83	1.49	9	1
1:A:147:PHE:CE2	1:A:179:ALA:HB2	0.83	2.09	13	1
1:A:176:ILE:CG2	1:A:203:TYR:CD1	0.82	2.61	6	6
1:A:246:VAL:CG1	1:A:253:HIS:CD2	0.82	2.62	3	5
1:A:199:LEU:CD2	1:A:228:TYR:CD2	0.82	2.62	15	3
1:A:107:GLN:NE2	1:A:112:LEU:HD21	0.82	1.89	13	3
1:A:172:LEU:HD13	1:A:174:TYR:CE1	0.82	2.09	7	2
1:A:176:ILE:CD1	1:A:203:TYR:CE2	0.82	2.62	9	1
1:A:199:LEU:HD13	1:A:228:TYR:CD2	0.82	2.08	10	2
1:A:54:LEU:CD2	1:A:63:TYR:CD1	0.82	2.62	3	11
1:A:79:VAL:CG1	1:A:105:TYR:CE2	0.82	2.62	11	3
1:A:79:VAL:CG1	1:A:105:TYR:CZ	0.82	2.62	11	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:147:PHE:CB	1:A:212:ALA:HB2	0.82	2.04	16	3
1:A:61:LYS:CD	1:A:63:TYR:CE1	0.82	2.62	1	1
1:A:161:THR:C	1:A:172:LEU:HD21	0.82	1.95	16	2
1:A:174:TYR:CE2	1:A:199:LEU:CD2	0.82	2.62	10	4
1:A:79:VAL:CG2	1:A:105:TYR:CE2	0.82	2.62	2	7
1:A:141:ALA:CB	1:A:233:PHE:CD2	0.82	2.62	7	4
1:A:210:HIS:CD2	1:A:211:HIS:CD2	0.82	2.66	3	4
1:A:147:PHE:CE2	1:A:178:PHE:CD1	0.82	2.68	7	3
1:A:197:VAL:CG2	1:A:220:TYR:CG	0.82	2.62	12	1
1:A:162:ALA:N	1:A:172:LEU:HD22	0.82	1.89	15	1
1:A:102:PHE:CE2	1:A:115:LEU:CD2	0.82	2.63	7	2
1:A:140:ILE:C	1:A:140:ILE:HD12	0.82	1.95	6	1
1:A:177:ASP:CB	1:A:181:LYS:CG	0.82	2.58	6	2
1:A:190:LEU:HD21	1:A:195:LEU:HB2	0.82	1.50	3	3
1:A:158:TYR:CE2	1:A:232:ILE:CG2	0.82	2.62	1	1
1:A:172:LEU:CD1	1:A:174:TYR:CE1	0.82	2.62	7	2
1:A:158:TYR:CE2	1:A:176:ILE:CG1	0.82	2.62	11	1
1:A:54:LEU:HD22	1:A:82:PHE:CZ	0.82	2.10	4	1
1:A:197:VAL:HG12	1:A:220:TYR:CB	0.82	2.04	5	2
1:A:147:PHE:CE2	1:A:178:PHE:CE1	0.82	2.67	7	1
1:A:230:LEU:HD23	1:A:242:GLY:CA	0.82	2.04	9	12
1:A:158:TYR:CG	1:A:176:ILE:CD1	0.82	2.62	5	1
1:A:141:ALA:CB	1:A:233:PHE:CE1	0.82	2.62	5	1
1:A:199:LEU:HG	1:A:218:VAL:HG13	0.81	1.50	17	2
1:A:82:PHE:CE1	1:A:102:PHE:CB	0.81	2.63	12	7
1:A:176:ILE:HG12	1:A:201:VAL:HG11	0.81	1.51	1	1
1:A:197:VAL:HG13	1:A:220:TYR:HB2	0.81	1.49	14	3
1:A:147:PHE:CE1	1:A:212:ALA:CB	0.81	2.63	7	3
1:A:174:TYR:OH	1:A:199:LEU:HD13	0.81	1.75	2	4
1:A:104:VAL:HG22	1:A:113:THR:HB	0.81	1.51	10	1
1:A:232:ILE:HD12	1:A:239:GLU:O	0.81	1.75	14	3
1:A:156:ALA:CB	1:A:203:TYR:CE2	0.81	2.62	1	1
1:A:156:ALA:HB1	1:A:203:TYR:CE2	0.81	2.10	1	1
1:A:230:LEU:CD2	1:A:257:LEU:HD12	0.81	2.06	11	7
1:A:210:HIS:CE1	1:A:211:HIS:NE2	0.81	2.49	11	9
1:A:199:LEU:CD1	1:A:218:VAL:HG13	0.81	2.05	7	1
1:A:197:VAL:CG2	1:A:220:TYR:CD2	0.81	2.63	12	1
1:A:39:SER:O	1:A:40:LEU:HD23	0.81	1.76	10	3
1:A:214:ILE:CG1	1:A:232:ILE:HG21	0.81	2.06	13	1
1:A:141:ALA:CB	1:A:233:PHE:CE2	0.81	2.64	6	3
1:A:184:HIS:CD2	1:A:185:GLY:N	0.81	2.49	4	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:187:ILE:CG2	1:A:197:VAL:HG23	0.81	2.06	16	3
1:A:88:ILE:HD13	1:A:95:ILE:HG21	0.81	1.50	3	1
1:A:199:LEU:HD12	1:A:218:VAL:CG1	0.81	2.04	7	1
1:A:233:PHE:N	1:A:233:PHE:CD1	0.81	2.48	10	7
1:A:210:HIS:CD2	1:A:211:HIS:NE2	0.81	2.49	9	7
1:A:189:HIS:HB3	1:A:190:LEU:HD23	0.81	1.52	1	3
1:A:135:PHE:CZ	1:A:254:HIS:NE2	0.81	2.49	3	4
1:A:203:TYR:CZ	1:A:212:ALA:HB1	0.81	2.11	1	4
1:A:88:ILE:CD1	1:A:94:LEU:HD22	0.81	2.05	16	1
1:A:84:PHE:CE2	1:A:102:PHE:CD2	0.81	2.69	16	15
1:A:230:LEU:HD11	1:A:257:LEU:HD12	0.81	1.51	1	4
1:A:105:TYR:HB3	1:A:112:LEU:HD12	0.81	1.52	16	7
1:A:203:TYR:CD1	1:A:204:ILE:N	0.81	2.49	15	2
1:A:152:LYS:N	1:A:178:PHE:CD2	0.81	2.49	9	1
1:A:233:PHE:CD1	1:A:233:PHE:N	0.80	2.49	4	5
1:A:82:PHE:CE2	1:A:102:PHE:CD2	0.80	2.69	9	3
1:A:103:GLN:HB2	1:A:114:ALA:HB3	0.80	1.53	16	5
1:A:172:LEU:HD22	1:A:228:TYR:OH	0.80	1.76	8	1
1:A:197:VAL:HG13	1:A:220:TYR:N	0.80	1.91	13	6
1:A:195:LEU:O	1:A:196:ASN:ND2	0.80	2.15	2	4
1:A:79:VAL:HG13	1:A:105:TYR:CZ	0.80	2.10	11	2
1:A:203:TYR:CE2	1:A:212:ALA:HB1	0.80	2.12	13	2
1:A:244:ALA:C	1:A:255:ILE:HD12	0.80	1.96	14	13
1:A:87:GLN:NE2	1:A:97:LEU:HD23	0.80	1.92	9	2
1:A:170:GLY:N	1:A:189:HIS:CD2	0.80	2.49	1	3
1:A:214:ILE:HD11	1:A:240:VAL:HG23	0.80	1.54	9	1
1:A:162:ALA:HB2	1:A:172:LEU:HD13	0.80	1.54	15	1
1:A:135:PHE:CE1	1:A:254:HIS:NE2	0.80	2.49	8	2
1:A:54:LEU:HD13	1:A:82:PHE:CG	0.80	2.12	15	5
1:A:228:TYR:OH	1:A:257:LEU:HD13	0.80	1.77	11	2
1:A:218:VAL:HG23	1:A:228:TYR:HB2	0.80	1.54	13	2
1:A:158:TYR:CZ	1:A:232:ILE:CD1	0.80	2.65	7	2
1:A:212:ALA:HB3	1:A:232:ILE:HG12	0.80	1.54	7	3
1:A:39:SER:O	1:A:40:LEU:HD22	0.80	1.77	15	7
1:A:233:PHE:CE2	1:A:239:GLU:CG	0.80	2.65	7	2
1:A:129:MET:HE3	1:A:129:MET:HA	0.80	1.51	11	1
1:A:201:VAL:HG21	1:A:228:TYR:CD1	0.80	2.11	13	1
1:A:147:PHE:CD1	1:A:178:PHE:CZ	0.80	2.69	7	1
1:A:116:GLN:CG	1:A:168:ALA:HB2	0.79	2.07	2	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:141:ALA:HB1	0.79	1.76	13	1
1:A:25:ALA:C	1:A:26:LEU:HD23	0.79	1.97	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:137:ILE:HD13	1:A:137:ILE:C	0.79	1.96	8	1
1:A:74:LEU:HD11	1:A:106:LYS:CB	0.79	2.07	10	1
1:A:26:LEU:HD23	1:A:26:LEU:N	0.79	1.92	13	1
1:A:24:ASP:HA	1:A:28:ALA:HB3	0.79	1.53	7	2
1:A:112:LEU:CD2	1:A:140:ILE:HD12	0.79	2.06	3	2
1:A:71:THR:HG22	1:A:74:LEU:HD13	0.79	1.54	2	2
1:A:93:GLN:HG3	1:A:94:LEU:N	0.79	1.92	11	1
1:A:85:ILE:HG22	1:A:87:GLN:NE2	0.79	1.92	17	2
1:A:147:PHE:HB2	1:A:212:ALA:HB2	0.79	1.55	16	3
1:A:140:ILE:O	1:A:140:ILE:HG23	0.79	1.77	10	6
1:A:244:ALA:CB	1:A:255:ILE:HD13	0.79	2.02	12	3
1:A:181:LYS:CD	1:A:202:ALA:HB1	0.79	2.07	7	1
1:A:46:ILE:HG22	1:A:50:GLY:HA3	0.79	1.55	12	1
1:A:162:ALA:HB1	1:A:256:GLY:O	0.79	1.77	13	8
1:A:102:PHE:CZ	1:A:115:LEU:CD2	0.79	2.66	16	5
1:A:174:TYR:CE1	1:A:199:LEU:CD2	0.79	2.62	16	1
1:A:174:TYR:OH	1:A:199:LEU:HD22	0.79	1.78	2	2
1:A:79:VAL:CG2	1:A:105:TYR:CE1	0.79	2.66	15	2
1:A:181:LYS:HD3	1:A:204:ILE:HD13	0.79	1.54	5	1
1:A:129:MET:HA	1:A:129:MET:HE3	0.79	1.54	8	1
1:A:234:GLY:CA	1:A:238:GLN:CG	0.79	2.61	1	1
1:A:54:LEU:HD13	1:A:82:PHE:CD2	0.78	2.13	15	6
1:A:107:GLN:OE1	1:A:237:ALA:HB1	0.78	1.79	15	1
1:A:52:LEU:CD1	1:A:63:TYR:CZ	0.78	2.67	4	1
1:A:41:THR:HG23	1:A:68:SER:HB2	0.78	1.55	9	6
1:A:150:LEU:HD12	1:A:150:LEU:O	0.78	1.79	10	2
1:A:52:LEU:O	1:A:52:LEU:HD12	0.78	1.79	3	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:115:LEU:CD2	0.78	2.66	15	6
1:A:199:LEU:HD11	1:A:201:VAL:HG12	0.78	1.53	3	1
1:A:54:LEU:HD21	1:A:63:TYR:CD1	0.78	2.14	3	4
1:A:175:THR:HG22	1:A:175:THR:O	0.78	1.76	2	3
1:A:85:ILE:HG22	1:A:87:GLN:HG3	0.78	1.55	15	5
1:A:230:LEU:CD1	1:A:242:GLY:CA	0.78	2.62	4	3
1:A:151:PRO:CB	1:A:178:PHE:CD1	0.78	2.67	6	3
1:A:150:LEU:HD21	1:A:178:PHE:HE1	0.78	1.36	12	1
1:A:135:PHE:CD2	1:A:163:PHE:CE2	0.78	2.72	13	2
1:A:54:LEU:O	1:A:54:LEU:HD12	0.78	1.79	4	2
1:A:205:LYS:N	1:A:206:PRO:CD	0.78	2.47	4	3
1:A:244:ALA:CB	1:A:255:ILE:CD1	0.78	2.61	15	17
1:A:85:ILE:HG22	1:A:98:GLU:O	0.78	1.79	3	1
1:A:162:ALA:HB2	1:A:172:LEU:HD21	0.78	1.56	4	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:153:ASP:CB	1:A:180:ALA:HB2	0.78	2.09	3	3
1:A:180:ALA:O	1:A:182:GLN:N	0.78	2.17	7	7
1:A:210:HIS:NE2	1:A:211:HIS:CE1	0.78	2.51	9	2
1:A:105:TYR:CB	1:A:112:LEU:HD12	0.78	2.08	16	5
1:A:199:LEU:CD1	1:A:199:LEU:N	0.78	2.44	7	1
1:A:140:ILE:HG23	1:A:140:ILE:O	0.78	1.79	12	2
1:A:177:ASP:CB	1:A:182:GLN:CB	0.78	2.62	17	6
1:A:85:ILE:HG22	1:A:87:GLN:CD	0.78	1.99	11	6
1:A:199:LEU:HD12	1:A:200:ALA:H	0.78	1.37	10	8
1:A:79:VAL:CG2	1:A:81:ARG:CD	0.78	2.62	10	2
1:A:205:LYS:CB	1:A:206:PRO:CD	0.78	2.62	14	14
1:A:82:PHE:CD1	1:A:82:PHE:N	0.78	2.52	9	2
1:A:77:ASP:CB	1:A:260:LYS:CD	0.77	2.62	7	7
1:A:197:VAL:HG13	1:A:219:LEU:CA	0.77	2.09	10	1
1:A:201:VAL:CG2	1:A:214:ILE:HG23	0.77	2.08	5	2
1:A:85:ILE:O	1:A:85:ILE:HG23	0.77	1.79	2	4
1:A:26:LEU:CD2	1:A:54:LEU:CD1	0.77	2.62	3	12
1:A:197:VAL:HG12	1:A:220:TYR:CA	0.77	2.09	5	2
1:A:212:ALA:HB3	1:A:232:ILE:HG13	0.77	1.54	14	3
1:A:176:ILE:HD12	1:A:203:TYR:CD2	0.77	2.14	9	1
1:A:176:ILE:CD1	1:A:214:ILE:CD1	0.77	2.62	10	5
1:A:149:LYS:N	1:A:149:LYS:CD	0.77	2.48	13	5
1:A:147:PHE:CD2	1:A:212:ALA:HB2	0.77	2.15	2	1
1:A:115:LEU:HD12	1:A:136:ARG:HD3	0.77	1.56	13	2
1:A:228:TYR:CZ	1:A:257:LEU:HD13	0.77	2.15	9	4
1:A:214:ILE:CG1	1:A:232:ILE:HD12	0.77	2.08	15	1
1:A:71:THR:HB	1:A:74:LEU:HD23	0.77	1.55	4	1
1:A:112:LEU:CD1	1:A:258:ALA:CB	0.77	2.62	17	1
1:A:177:ASP:CG	1:A:180:ALA:HB3	0.77	2.01	14	7
1:A:176:ILE:HG23	1:A:183:GLY:HA2	0.77	1.54	6	5
1:A:144:HIS:CD2	1:A:144:HIS:N	0.77	2.50	10	3
1:A:143:GLU:O	1:A:211:HIS:CG	0.77	2.38	5	4
1:A:214:ILE:HD11	1:A:232:ILE:HB	0.77	1.56	11	2
1:A:176:ILE:CD1	1:A:232:ILE:CD1	0.77	2.62	13	1
1:A:37:LEU:HD13	1:A:38:LYS:CG	0.77	2.09	6	1
1:A:150:LEU:CD2	1:A:235:GLU:CG	0.77	2.63	1	1
1:A:54:LEU:HD11	1:A:63:TYR:CE2	0.76	2.15	7	1
1:A:71:THR:CG2	1:A:74:LEU:CD1	0.76	2.62	1	1
1:A:195:LEU:N	1:A:195:LEU:CD1	0.76	2.48	10	8
1:A:176:ILE:HG22	1:A:184:HIS:H	0.76	1.37	9	2
1:A:169:GLY:HA2	1:A:187:ILE:HD11	0.76	1.56	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:176:ILE:HD12	1:A:232:ILE:HD13	0.76	1.58	13	1
1:A:188:GLU:CB	1:A:196:ASN:ND2	0.76	2.48	1	5
1:A:71:THR:HG22	1:A:74:LEU:HD21	0.76	1.55	10	3
1:A:168:ALA:O	1:A:169:GLY:C	0.76	2.23	1	4
1:A:176:ILE:CD1	1:A:201:VAL:CG1	0.76	2.62	7	1
1:A:199:LEU:HB3	1:A:218:VAL:HG22	0.76	1.54	7	1
1:A:84:PHE:CE1	1:A:86:ARG:NH2	0.76	2.53	5	6
1:A:145:THR:HG21	1:A:233:PHE:CD2	0.76	2.15	11	2
1:A:178:PHE:O	1:A:203:TYR:CD2	0.76	2.39	3	1
1:A:158:TYR:CE1	1:A:240:VAL:CG1	0.76	2.69	9	1
1:A:199:LEU:HD11	1:A:228:TYR:CE1	0.76	2.16	8	3
1:A:207:ASP:CG	1:A:213:VAL:HG22	0.76	2.00	4	4
1:A:201:VAL:HG22	1:A:216:GLY:HA3	0.76	1.57	14	6
1:A:201:VAL:CG1	1:A:215:SER:N	0.76	2.49	4	7
1:A:49:ASN:HB2	1:A:88:ILE:HD11	0.76	1.56	17	2
1:A:201:VAL:HG22	1:A:214:ILE:HD12	0.76	1.55	5	2
1:A:135:PHE:O	1:A:135:PHE:CG	0.76	2.39	4	6
1:A:23:ALA:HB2	1:A:58:GLY:HA3	0.76	1.58	6	2
1:A:190:LEU:HD13	1:A:195:LEU:HD22	0.76	1.57	17	5
1:A:95:ILE:O	1:A:95:ILE:HG22	0.76	1.78	5	7
1:A:218:VAL:O	1:A:219:LEU:HD12	0.76	1.80	15	5
1:A:107:GLN:CD	1:A:112:LEU:HD21	0.76	1.99	13	1
1:A:203:TYR:CE2	1:A:204:ILE:O	0.76	2.39	5	2
1:A:145:THR:CG2	1:A:235:GLU:N	0.76	2.48	5	3
1:A:147:PHE:CG	1:A:212:ALA:CB	0.76	2.69	16	3
1:A:218:VAL:HG12	1:A:226:GLY:C	0.76	2.01	5	5
1:A:137:ILE:CD1	1:A:163:PHE:CE2	0.76	2.68	3	1
1:A:28:ALA:HB3	1:A:70:ASN:HB3	0.75	1.57	2	1
1:A:207:ASP:CB	1:A:213:VAL:HG22	0.75	2.11	4	11
1:A:145:THR:OG1	1:A:211:HIS:CD2	0.75	2.39	11	2
1:A:163:PHE:CD1	1:A:163:PHE:O	0.75	2.39	5	2
1:A:147:PHE:CE2	1:A:203:TYR:CD1	0.75	2.74	7	1
1:A:22:LEU:CD2	1:A:22:LEU:N	0.75	2.49	6	1
1:A:147:PHE:CE1	1:A:203:TYR:OH	0.75	2.39	1	2
1:A:147:PHE:CG	1:A:203:TYR:CE1	0.75	2.74	1	1
1:A:110:SER:CB	1:A:142:GLY:N	0.75	2.49	12	4
1:A:138:GLY:O	1:A:139:ASP:O	0.75	2.03	1	2
1:A:230:LEU:HD12	1:A:242:GLY:N	0.75	1.97	13	1
1:A:26:LEU:CD2	1:A:56:ALA:HB2	0.75	2.12	6	3
1:A:147:PHE:CD2	1:A:203:TYR:OH	0.75	2.40	12	5
1:A:22:LEU:N	1:A:22:LEU:CD2	0.75	2.49	13	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:154:VAL:HG11	1:A:236:LYS:CD	0.75	2.11	1	1
1:A:177:ASP:CB	1:A:181:LYS:HB3	0.75	2.11	8	6
1:A:176:ILE:HD13	1:A:201:VAL:HG11	0.75	1.57	7	1
1:A:214:ILE:CG2	1:A:230:LEU:HD21	0.75	2.10	6	1
1:A:145:THR:HG23	1:A:211:HIS:CB	0.75	2.12	14	3
1:A:190:LEU:HD21	1:A:195:LEU:HB3	0.75	1.55	4	2
1:A:172:LEU:HD22	1:A:257:LEU:HD22	0.75	1.59	10	2
1:A:197:VAL:CG1	1:A:219:LEU:N	0.75	2.49	8	2
1:A:143:GLU:O	1:A:211:HIS:CD2	0.75	2.40	5	6
1:A:37:LEU:HD22	1:A:37:LEU:N	0.75	1.96	15	6
1:A:152:LYS:O	1:A:178:PHE:CZ	0.75	2.40	4	2
1:A:52:LEU:HD13	1:A:84:PHE:HD2	0.75	1.34	1	1
1:A:135:PHE:CD1	1:A:135:PHE:O	0.75	2.40	3	4
1:A:76:ASN:O	1:A:78:LYS:N	0.75	2.19	11	1
1:A:147:PHE:CD1	1:A:212:ALA:CB	0.75	2.62	4	6
1:A:197:VAL:HG13	1:A:220:TYR:CA	0.75	2.11	6	4
1:A:152:LYS:O	1:A:178:PHE:CE2	0.75	2.39	4	2
1:A:150:LEU:HD23	1:A:150:LEU:O	0.75	1.81	12	1
1:A:88:ILE:CD1	1:A:88:ILE:N	0.75	2.49	1	1
1:A:228:TYR:CE2	1:A:257:LEU:HD13	0.75	2.17	7	5
1:A:88:ILE:CG2	1:A:95:ILE:HD13	0.75	2.12	3	1
1:A:196:ASN:O	1:A:220:TYR:CD1	0.75	2.40	13	8
1:A:158:TYR:CD1	1:A:176:ILE:HD12	0.75	2.16	2	2
1:A:196:ASN:O	1:A:220:TYR:CE1	0.75	2.40	6	4
1:A:187:ILE:HG22	1:A:199:LEU:HD11	0.75	1.58	7	1
1:A:201:VAL:HG13	1:A:214:ILE:CG2	0.75	2.06	16	2
1:A:220:TYR:CD1	1:A:224:GLU:OE2	0.75	2.40	12	1
1:A:174:TYR:OH	1:A:228:TYR:CE2	0.75	2.40	7	5
1:A:201:VAL:HG13	1:A:215:SER:N	0.75	1.97	13	6
1:A:172:LEU:HD22	1:A:257:LEU:HB3	0.75	1.59	12	2
1:A:203:TYR:CE1	1:A:214:ILE:CG2	0.75	2.68	11	1
1:A:149:LYS:HD2	1:A:150:LEU:HD23	0.75	1.57	4	2
1:A:140:ILE:HD12	1:A:141:ALA:O	0.75	1.81	1	1
1:A:147:PHE:CD1	1:A:150:LEU:HD21	0.75	2.16	17	2
1:A:84:PHE:O	1:A:84:PHE:CD1	0.75	2.40	8	4
1:A:158:TYR:CE1	1:A:238:GLN:O	0.75	2.40	16	2
1:A:145:THR:OG1	1:A:211:HIS:CG	0.75	2.40	11	1
1:A:163:PHE:O	1:A:163:PHE:CD1	0.75	2.40	14	3
1:A:203:TYR:CD1	1:A:213:VAL:O	0.75	2.39	14	2
1:A:135:PHE:O	1:A:135:PHE:CD1	0.75	2.40	4	5
1:A:27:THR:OG1	1:A:59:ALA:HB1	0.75	1.81	16	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:203:TYR:HE1	1:A:212:ALA:HB1	0.75	1.42	14	1
1:A:158:TYR:CZ	1:A:232:ILE:HG21	0.75	2.17	1	1
1:A:158:TYR:CE2	1:A:203:TYR:OH	0.75	2.40	16	1
1:A:177:ASP:O	1:A:178:PHE:O	0.74	2.05	12	17
1:A:79:VAL:HG21	1:A:105:TYR:CE2	0.74	2.17	2	3
1:A:207:ASP:OD2	1:A:211:HIS:CD2	0.74	2.40	10	2
1:A:196:ASN:O	1:A:220:TYR:CG	0.74	2.40	8	4
1:A:163:PHE:CZ	1:A:168:ALA:O	0.74	2.40	10	1
1:A:63:TYR:CE2	1:A:67:ASP:OD2	0.74	2.40	12	2
1:A:158:TYR:CD1	1:A:261:GLN:O	0.74	2.40	15	2
1:A:158:TYR:CE1	1:A:203:TYR:OH	0.74	2.40	7	1
1:A:176:ILE:CD1	1:A:183:GLY:CA	0.74	2.64	14	1
1:A:158:TYR:CG	1:A:261:GLN:OXT	0.74	2.40	1	2
1:A:158:TYR:CD1	1:A:261:GLN:OXT	0.74	2.40	16	1
1:A:197:VAL:HG21	1:A:224:GLU:CD	0.74	2.03	2	3
1:A:63:TYR:CD2	1:A:67:ASP:OD2	0.74	2.40	12	3
1:A:26:LEU:HD12	1:A:26:LEU:N	0.74	1.97	1	4
1:A:251:GLY:O	1:A:253:HIS:CE1	0.74	2.40	2	2
1:A:248:THR:OG1	1:A:253:HIS:CE1	0.74	2.40	8	9
1:A:63:TYR:CZ	1:A:67:ASP:OD2	0.74	2.40	12	1
1:A:152:LYS:N	1:A:152:LYS:CD	0.74	2.49	8	1
1:A:196:ASN:O	1:A:220:TYR:CD2	0.74	2.40	8	1
1:A:63:TYR:CE2	1:A:68:SER:O	0.74	2.40	9	3
1:A:135:PHE:CG	1:A:135:PHE:O	0.74	2.40	14	2
1:A:226:GLY:N	1:A:246:VAL:HG23	0.74	1.97	13	1
1:A:254:HIS:O	1:A:254:HIS:CD2	0.74	2.40	8	5
1:A:167:ASP:OD2	1:A:189:HIS:CD2	0.74	2.40	17	1
1:A:187:ILE:CG2	1:A:218:VAL:CG1	0.74	2.62	9	5
1:A:177:ASP:CB	1:A:181:LYS:CB	0.74	2.65	8	6
1:A:71:THR:HB	1:A:74:LEU:HD21	0.74	1.57	16	2
1:A:189:HIS:NE2	1:A:246:VAL:CG2	0.74	2.49	5	1
1:A:79:VAL:N	1:A:105:TYR:CE1	0.74	2.56	7	1
1:A:174:TYR:CD2	1:A:184:HIS:O	0.74	2.39	17	1
1:A:158:TYR:CE2	1:A:238:GLN:O	0.74	2.41	2	6
1:A:197:VAL:HG12	1:A:218:VAL:HG22	0.74	1.60	10	1
1:A:158:TYR:CG	1:A:261:GLN:O	0.74	2.40	12	2
1:A:147:PHE:CG	1:A:203:TYR:OH	0.74	2.39	15	4
1:A:184:HIS:CD2	1:A:199:LEU:O	0.74	2.40	9	2
1:A:42:LEU:CD2	1:A:67:ASP:CB	0.74	2.64	11	3
1:A:174:TYR:OH	1:A:228:TYR:CD2	0.74	2.40	12	5
1:A:96:THR:C	1:A:97:LEU:HD12	0.74	2.02	6	14

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:210:HIS:NE2	1:A:211:HIS:NE2	0.74	2.36	1	8
1:A:37:LEU:CD1	1:A:38:LYS:CG	0.74	2.65	6	1
1:A:158:TYR:CZ	1:A:203:TYR:OH	0.74	2.40	16	1
1:A:105:TYR:CE1	1:A:107:GLN:OE1	0.74	2.40	17	1
1:A:237:ALA:O	1:A:239:GLU:N	0.74	2.21	2	9
1:A:175:THR:O	1:A:175:THR:HG22	0.74	1.83	15	4
1:A:189:HIS:CE1	1:A:255:ILE:HG21	0.74	2.18	13	1
1:A:54:LEU:HD23	1:A:63:TYR:CG	0.74	2.18	10	8
1:A:207:ASP:HA	1:A:213:VAL:HG22	0.74	1.58	11	6
1:A:174:TYR:CD2	1:A:203:TYR:OH	0.74	2.40	9	1
1:A:144:HIS:O	1:A:211:HIS:CD2	0.74	2.40	1	2
1:A:147:PHE:CE2	1:A:203:TYR:OH	0.74	2.40	6	4
1:A:199:LEU:HD11	1:A:201:VAL:HG23	0.74	1.60	4	4
1:A:84:PHE:CD1	1:A:84:PHE:O	0.74	2.40	9	4
1:A:63:TYR:CD1	1:A:67:ASP:OD2	0.74	2.41	12	1
1:A:165:SER:OG	1:A:254:HIS:CD2	0.74	2.40	1	3
1:A:164:GLY:CA	1:A:189:HIS:CE1	0.74	2.70	11	1
1:A:63:TYR:CE1	1:A:67:ASP:OD2	0.74	2.41	12	1
1:A:158:TYR:CD2	1:A:261:GLN:OXT	0.74	2.40	1	1
1:A:254:HIS:CD2	1:A:254:HIS:O	0.73	2.40	7	4
1:A:234:GLY:HA3	1:A:238:GLN:CB	0.73	2.13	7	5
1:A:158:TYR:CZ	1:A:232:ILE:HD11	0.73	2.18	4	2
1:A:156:ALA:HB3	1:A:235:GLU:OE2	0.73	1.81	9	1
1:A:149:LYS:CD	1:A:149:LYS:N	0.73	2.51	17	2
1:A:42:LEU:HD13	1:A:67:ASP:O	0.73	1.83	13	5
1:A:147:PHE:CE1	1:A:232:ILE:CG1	0.73	2.71	11	1
1:A:137:ILE:O	1:A:137:ILE:HG23	0.73	1.84	6	5
1:A:197:VAL:HG22	1:A:223:ASP:CB	0.73	2.13	4	1
1:A:234:GLY:HA3	1:A:238:GLN:HB3	0.73	1.60	4	2
1:A:140:ILE:CD1	1:A:140:ILE:O	0.73	2.36	7	6
1:A:156:ALA:O	1:A:158:TYR:CE1	0.73	2.40	14	4
1:A:209:LYS:CB	1:A:210:HIS:CD2	0.73	2.70	15	2
1:A:174:TYR:CD1	1:A:184:HIS:O	0.73	2.40	4	1
1:A:41:THR:HG23	1:A:68:SER:HB3	0.73	1.59	8	3
1:A:105:TYR:CD1	1:A:107:GLN:OE1	0.73	2.41	17	1
1:A:71:THR:CG2	1:A:74:LEU:HD13	0.73	2.13	1	4
1:A:163:PHE:N	1:A:163:PHE:CD1	0.73	2.55	1	4
1:A:230:LEU:HD23	1:A:240:VAL:HG22	0.73	1.59	4	2
1:A:71:THR:CG2	1:A:74:LEU:HD21	0.73	2.14	10	3
1:A:146:SER:CB	1:A:210:HIS:O	0.73	2.37	3	13
1:A:176:ILE:CG2	1:A:203:TYR:CG	0.73	2.72	4	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:135:PHE:CG	1:A:163:PHE:CE2	0.73	2.76	15	1
1:A:174:TYR:CD2	1:A:184:HIS:C	0.73	2.62	2	3
1:A:157:THR:C	1:A:158:TYR:CD1	0.73	2.62	4	8
1:A:90:VAL:HG11	1:A:93:GLN:OE1	0.73	1.84	14	4
1:A:210:HIS:ND1	1:A:211:HIS:NE2	0.73	2.36	15	3
1:A:189:HIS:CE1	1:A:255:ILE:HG22	0.73	2.18	11	1
1:A:153:ASP:HA	1:A:180:ALA:HB3	0.73	1.59	6	1
1:A:179:ALA:HB3	1:A:205:LYS:NZ	0.73	1.99	9	1
1:A:167:ASP:CG	1:A:189:HIS:CG	0.73	2.62	17	1
1:A:147:PHE:O	1:A:149:LYS:N	0.73	2.22	8	3
1:A:220:TYR:CE2	1:A:222:GLN:CG	0.73	2.72	10	1
1:A:168:ALA:CB	1:A:190:LEU:HD23	0.73	2.12	15	1
1:A:234:GLY:CA	1:A:238:GLN:CB	0.73	2.66	4	4
1:A:197:VAL:CG1	1:A:218:VAL:HG22	0.73	2.14	10	2
1:A:233:PHE:CE2	1:A:239:GLU:HG3	0.73	2.19	7	2
1:A:89:GLU:CG	1:A:95:ILE:CD1	0.73	2.67	5	2
1:A:82:PHE:O	1:A:82:PHE:CD1	0.73	2.41	7	2
1:A:63:TYR:CG	1:A:67:ASP:OD2	0.73	2.41	12	1
1:A:197:VAL:HG12	1:A:219:LEU:N	0.73	1.98	8	1
1:A:71:THR:CA	1:A:74:LEU:HD21	0.73	2.14	16	1
1:A:201:VAL:HG11	1:A:214:ILE:HG22	0.72	1.60	9	7
1:A:145:THR:HG21	1:A:233:PHE:CB	0.72	2.14	4	1
1:A:85:ILE:HG23	1:A:85:ILE:O	0.72	1.82	4	1
1:A:116:GLN:NE2	1:A:168:ALA:HB1	0.72	1.99	14	1
1:A:156:ALA:HB3	1:A:235:GLU:CD	0.72	2.04	9	1
1:A:172:LEU:HD23	1:A:257:LEU:HD22	0.72	1.59	1	2
1:A:71:THR:HB	1:A:74:LEU:HD13	0.72	1.61	1	4
1:A:87:GLN:CD	1:A:97:LEU:HD23	0.72	2.03	10	2
1:A:78:LYS:O	1:A:105:TYR:CD1	0.72	2.42	13	3
1:A:189:HIS:N	1:A:196:ASN:ND2	0.72	2.36	2	1
1:A:203:TYR:C	1:A:203:TYR:CD1	0.72	2.62	15	1
1:A:232:ILE:CG1	1:A:240:VAL:CG2	0.72	2.67	15	2
1:A:164:GLY:HA3	1:A:189:HIS:CE1	0.72	2.20	11	1
1:A:87:GLN:HE22	1:A:97:LEU:HD23	0.72	1.43	5	1
1:A:199:LEU:CD1	1:A:228:TYR:CE1	0.72	2.72	17	1
1:A:174:TYR:CD2	1:A:185:GLY:N	0.72	2.58	2	2
1:A:147:PHE:CZ	1:A:232:ILE:CG2	0.72	2.72	15	1
1:A:163:PHE:CD1	1:A:163:PHE:C	0.72	2.62	8	4
1:A:176:ILE:HD12	1:A:183:GLY:HA2	0.72	1.59	11	1
1:A:151:PRO:HA	1:A:178:PHE:CD2	0.72	2.19	9	2
1:A:149:LYS:CG	1:A:150:LEU:HD23	0.72	2.15	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:141:ALA:CB	1:A:233:PHE:CG	0.72	2.71	1	2
1:A:155:MET:O	1:A:155:MET:CG	0.72	2.36	6	1
1:A:143:GLU:CG	1:A:143:GLU:O	0.72	2.37	16	1
1:A:218:VAL:HG12	1:A:226:GLY:O	0.72	1.84	12	2
1:A:20:THR:HG22	1:A:23:ALA:CB	0.72	2.14	7	3
1:A:228:TYR:C	1:A:228:TYR:CD1	0.72	2.62	13	1
1:A:151:PRO:HB2	1:A:178:PHE:CG	0.72	2.19	5	3
1:A:174:TYR:CE2	1:A:203:TYR:OH	0.72	2.40	9	1
1:A:95:ILE:O	1:A:95:ILE:CG2	0.72	2.38	10	9
1:A:204:ILE:HG22	1:A:213:VAL:CG2	0.72	2.14	15	2
1:A:147:PHE:O	1:A:151:PRO:CD	0.72	2.38	8	5
1:A:220:TYR:CD2	1:A:222:GLN:HB3	0.72	2.20	13	1
1:A:104:VAL:HG22	1:A:113:THR:CB	0.72	2.14	10	1
1:A:140:ILE:O	1:A:140:ILE:CD1	0.72	2.37	5	5
1:A:158:TYR:CE2	1:A:176:ILE:HG13	0.72	2.19	11	1
1:A:174:TYR:CE2	1:A:199:LEU:CD1	0.72	2.71	8	1
1:A:150:LEU:O	1:A:150:LEU:HD23	0.72	1.83	15	1
1:A:228:TYR:CZ	1:A:230:LEU:HD13	0.72	2.20	17	2
1:A:96:THR:HG22	1:A:98:GLU:OE1	0.72	1.84	10	2
1:A:146:SER:CA	1:A:210:HIS:O	0.72	2.38	14	15
1:A:175:THR:C	1:A:176:ILE:HD12	0.72	2.04	6	1
1:A:85:ILE:HG23	1:A:98:GLU:C	0.72	2.03	12	4
1:A:169:GLY:C	1:A:189:HIS:CD2	0.72	2.62	9	1
1:A:196:ASN:ND2	1:A:196:ASN:N	0.71	2.37	16	5
1:A:158:TYR:CD1	1:A:176:ILE:CD1	0.71	2.71	5	3
1:A:147:PHE:CG	1:A:151:PRO:HG3	0.71	2.20	11	1
1:A:158:TYR:HB3	1:A:240:VAL:HG11	0.71	1.62	1	2
1:A:203:TYR:OH	1:A:212:ALA:HB1	0.71	1.84	12	3
1:A:107:GLN:NE2	1:A:238:GLN:NE2	0.71	2.36	9	1
1:A:135:PHE:O	1:A:135:PHE:CD2	0.71	2.43	9	1
1:A:111:ALA:O	1:A:140:ILE:HG23	0.71	1.83	17	4
1:A:144:HIS:HA	1:A:211:HIS:CD2	0.71	2.20	3	2
1:A:199:LEU:HD11	1:A:201:VAL:CG1	0.71	2.15	3	1
1:A:46:ILE:HD12	1:A:64:GLY:CA	0.71	2.14	3	2
1:A:147:PHE:CE2	1:A:212:ALA:CB	0.71	2.73	2	1
1:A:234:GLY:HA3	1:A:238:GLN:HB2	0.71	1.61	1	3
1:A:162:ALA:CB	1:A:170:GLY:O	0.71	2.38	17	5
1:A:171:LYS:O	1:A:188:GLU:CG	0.71	2.38	8	3
1:A:176:ILE:CG2	1:A:182:GLN:O	0.71	2.39	2	4
1:A:135:PHE:CZ	1:A:163:PHE:CD2	0.71	2.78	15	1
1:A:184:HIS:CG	1:A:185:GLY:N	0.71	2.58	4	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:171:LYS:CB	1:A:188:GLU:O	0.71	2.39	7	4
1:A:203:TYR:HE2	1:A:232:ILE:HD13	0.71	1.45	12	1
1:A:88:ILE:CG2	1:A:88:ILE:O	0.71	2.38	10	3
1:A:63:TYR:CE1	1:A:68:SER:O	0.71	2.44	7	3
1:A:178:PHE:CZ	1:A:181:LYS:CG	0.71	2.73	11	1
1:A:147:PHE:CZ	1:A:232:ILE:HD11	0.71	2.19	16	5
1:A:209:LYS:HB3	1:A:210:HIS:CD2	0.71	2.21	15	5
1:A:220:TYR:CE2	1:A:222:GLN:HG2	0.71	2.21	10	1
1:A:174:TYR:CE2	1:A:185:GLY:N	0.71	2.59	2	2
1:A:222:GLN:O	1:A:224:GLU:N	0.71	2.23	15	1
1:A:141:ALA:CB	1:A:144:HIS:CD2	0.71	2.65	12	2
1:A:165:SER:HB3	1:A:254:HIS:CD2	0.71	2.19	15	4
1:A:233:PHE:O	1:A:234:GLY:C	0.71	2.28	9	2
1:A:79:VAL:HG11	1:A:161:THR:CG2	0.71	2.10	13	1
1:A:150:LEU:HD23	1:A:151:PRO:N	0.71	2.00	6	7
1:A:184:HIS:CD2	1:A:184:HIS:C	0.71	2.62	12	3
1:A:176:ILE:CD1	1:A:203:TYR:CD2	0.71	2.74	9	1
1:A:144:HIS:O	1:A:210:HIS:CD2	0.71	2.43	3	2
1:A:181:LYS:CB	1:A:203:TYR:O	0.71	2.39	16	7
1:A:172:LEU:CD1	1:A:259:ALA:HB2	0.71	2.15	11	4
1:A:147:PHE:CD1	1:A:151:PRO:HG3	0.71	2.20	9	3
1:A:41:THR:HG23	1:A:68:SER:HG	0.71	1.45	13	1
1:A:233:PHE:O	1:A:238:GLN:CB	0.71	2.38	1	3
1:A:184:HIS:C	1:A:184:HIS:CD2	0.71	2.63	14	6
1:A:85:ILE:CG2	1:A:87:GLN:NE2	0.71	2.54	17	6
1:A:95:ILE:HG22	1:A:95:ILE:O	0.71	1.84	1	9
1:A:154:VAL:CA	1:A:177:ASP:OD1	0.71	2.39	3	1
1:A:147:PHE:CB	1:A:203:TYR:OH	0.71	2.39	14	4
1:A:150:LEU:HD21	1:A:235:GLU:O	0.71	1.86	1	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:45:SER:OG	0.71	1.85	1	1
1:A:227:SER:O	1:A:244:ALA:HB1	0.71	1.86	4	12
1:A:162:ALA:O	1:A:170:GLY:N	0.71	2.24	6	14
1:A:202:ALA:O	1:A:214:ILE:HD13	0.71	1.85	3	1
1:A:147:PHE:CZ	1:A:232:ILE:HG22	0.71	2.21	15	1
1:A:204:ILE:HG22	1:A:213:VAL:HG21	0.71	1.60	15	1
1:A:71:THR:O	1:A:73:LYS:N	0.71	2.24	4	5
1:A:176:ILE:HG23	1:A:183:GLY:HA3	0.71	1.63	11	2
1:A:172:LEU:CD1	1:A:174:TYR:CE2	0.71	2.73	1	1
1:A:201:VAL:HG22	1:A:216:GLY:CA	0.71	2.16	17	8
1:A:244:ALA:C	1:A:255:ILE:CD1	0.71	2.60	6	16
1:A:187:ILE:CG2	1:A:197:VAL:O	0.71	2.39	10	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:162:ALA:HB3	1:A:171:LYS:N	0.71	2.00	11	1
1:A:147:PHE:CE1	1:A:178:PHE:CE1	0.71	2.79	7	1
1:A:172:LEU:CD1	1:A:172:LEU:O	0.70	2.39	2	2
1:A:79:VAL:CG1	1:A:104:VAL:O	0.70	2.39	15	2
1:A:54:LEU:CD2	1:A:63:TYR:CE1	0.70	2.74	5	7
1:A:150:LEU:CG	1:A:150:LEU:O	0.70	2.39	3	4
1:A:176:ILE:HD13	1:A:214:ILE:HD11	0.70	1.63	8	4
1:A:244:ALA:O	1:A:255:ILE:CD1	0.70	2.39	2	13
1:A:84:PHE:C	1:A:84:PHE:CD1	0.70	2.64	13	13
1:A:54:LEU:HD21	1:A:63:TYR:CE1	0.70	2.20	15	7
1:A:214:ILE:CG1	1:A:232:ILE:CG2	0.70	2.69	13	1
1:A:149:LYS:NZ	1:A:235:GLU:CG	0.70	2.54	7	1
1:A:210:HIS:N	1:A:210:HIS:ND1	0.70	2.39	7	1
1:A:151:PRO:HB3	1:A:178:PHE:CE1	0.70	2.20	6	1
1:A:176:ILE:HD12	1:A:203:TYR:CG	0.70	2.21	9	1
1:A:82:PHE:CE2	1:A:102:PHE:CG	0.70	2.78	9	2
1:A:144:HIS:HB3	1:A:211:HIS:CE1	0.70	2.21	8	2
1:A:147:PHE:CE1	1:A:232:ILE:HG12	0.70	2.20	11	3
1:A:145:THR:OG1	1:A:235:GLU:CG	0.70	2.40	10	3
1:A:156:ALA:HB1	1:A:158:TYR:CZ	0.70	2.20	10	1
1:A:187:ILE:CD1	1:A:228:TYR:OH	0.70	2.39	3	3
1:A:143:GLU:HB3	1:A:233:PHE:CG	0.70	2.21	3	1
1:A:88:ILE:O	1:A:88:ILE:CG2	0.70	2.39	14	1
1:A:203:TYR:OH	1:A:212:ALA:CB	0.70	2.40	12	2
1:A:185:GLY:O	1:A:199:LEU:CB	0.70	2.40	11	8
1:A:95:ILE:O	1:A:97:LEU:CD1	0.70	2.40	10	15
1:A:92:GLY:O	1:A:93:GLN:CG	0.70	2.39	3	9
1:A:95:ILE:CG2	1:A:95:ILE:O	0.70	2.39	15	7
1:A:111:ALA:O	1:A:140:ILE:CG1	0.70	2.40	11	2
1:A:178:PHE:CZ	1:A:181:LYS:CE	0.70	2.74	11	1
1:A:212:ALA:HB3	1:A:232:ILE:C	0.70	2.07	15	2
1:A:38:LYS:CE	1:A:78:LYS:CD	0.70	2.70	4	1
1:A:233:PHE:O	1:A:238:GLN:HB3	0.70	1.86	7	2
1:A:158:TYR:CZ	1:A:238:GLN:O	0.70	2.44	5	2
1:A:177:ASP:O	1:A:203:TYR:CB	0.70	2.40	1	2
1:A:151:PRO:HB2	1:A:179:ALA:HB2	0.70	1.63	14	1
1:A:150:LEU:O	1:A:150:LEU:CG	0.70	2.40	15	5
1:A:120:GLU:O	1:A:130:VAL:N	0.70	2.24	17	10
1:A:197:VAL:HG21	1:A:224:GLU:OE2	0.70	1.86	9	3
1:A:201:VAL:HG22	1:A:214:ILE:CD1	0.70	2.16	5	2
1:A:85:ILE:O	1:A:85:ILE:CG2	0.70	2.40	2	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:145:THR:CB	1:A:233:PHE:HA	0.70	2.16	4	2
1:A:111:ALA:O	1:A:140:ILE:CD1	0.70	2.40	6	1
1:A:151:PRO:CB	1:A:178:PHE:CE1	0.70	2.75	6	1
1:A:168:ALA:HB2	1:A:195:LEU:HB2	0.70	1.64	6	1
1:A:46:ILE:O	1:A:65:ASN:CB	0.70	2.40	12	1
1:A:214:ILE:HD12	1:A:232:ILE:HG22	0.70	1.63	17	1
1:A:97:LEU:O	1:A:121:GLN:CG	0.70	2.40	7	4
1:A:96:THR:O	1:A:97:LEU:CD1	0.70	2.40	9	12
1:A:62:THR:O	1:A:62:THR:CG2	0.70	2.40	12	4
1:A:74:LEU:HD12	1:A:78:LYS:CB	0.70	2.17	9	2
1:A:95:ILE:CG2	1:A:96:THR:N	0.70	2.53	3	1
1:A:145:THR:OG1	1:A:149:LYS:CE	0.70	2.40	7	2
1:A:170:GLY:CA	1:A:189:HIS:CG	0.70	2.74	9	2
1:A:174:TYR:CD1	1:A:174:TYR:N	0.70	2.59	14	2
1:A:232:ILE:HG23	1:A:239:GLU:O	0.70	1.85	1	1
1:A:205:LYS:N	1:A:206:PRO:HD2	0.70	2.01	4	3
1:A:111:ALA:O	1:A:112:LEU:HD23	0.70	1.86	4	4
1:A:88:ILE:O	1:A:95:ILE:CA	0.70	2.40	10	13
1:A:27:THR:OG1	1:A:59:ALA:CB	0.70	2.40	16	14
1:A:199:LEU:HD13	1:A:228:TYR:CB	0.70	2.16	10	7
1:A:205:LYS:CB	1:A:206:PRO:HD3	0.70	2.17	3	14
1:A:85:ILE:CG2	1:A:98:GLU:O	0.70	2.40	3	6
1:A:141:ALA:HB2	1:A:233:PHE:CD2	0.70	2.22	7	1
1:A:111:ALA:O	1:A:140:ILE:CG2	0.70	2.40	2	6
1:A:183:GLY:O	1:A:201:VAL:CB	0.70	2.39	12	8
1:A:42:LEU:CD1	1:A:67:ASP:O	0.70	2.40	2	8
1:A:203:TYR:OH	1:A:232:ILE:CD1	0.70	2.40	4	4
1:A:54:LEU:HD12	1:A:54:LEU:C	0.70	2.07	13	4
1:A:172:LEU:O	1:A:172:LEU:CG	0.70	2.40	2	1
1:A:25:ALA:O	1:A:70:ASN:CB	0.70	2.40	11	3
1:A:161:THR:O	1:A:172:LEU:CD2	0.70	2.39	11	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:239:GLU:CG	0.70	2.40	13	3
1:A:24:ASP:CA	1:A:28:ALA:O	0.70	2.40	7	2
1:A:176:ILE:HG21	1:A:203:TYR:CG	0.70	2.21	4	1
1:A:200:ALA:O	1:A:201:VAL:CG2	0.70	2.40	7	2
1:A:176:ILE:N	1:A:176:ILE:CD1	0.70	2.51	6	1
1:A:53:THR:O	1:A:84:PHE:CB	0.70	2.40	2	12
1:A:177:ASP:OD2	1:A:180:ALA:CB	0.70	2.40	3	5
1:A:219:LEU:HD23	1:A:224:GLU:O	0.70	1.86	3	2
1:A:54:LEU:C	1:A:54:LEU:HD12	0.70	2.06	4	3
1:A:178:PHE:HE2	1:A:180:ALA:HB3	0.70	1.46	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:131:ALA:O	1:A:132:LYS:CG	0.70	2.40	14	3
1:A:185:GLY:O	1:A:199:LEU:CD2	0.70	2.39	7	1
1:A:174:TYR:OH	1:A:240:VAL:CG1	0.70	2.39	14	1
1:A:22:LEU:CD1	1:A:22:LEU:N	0.70	2.48	1	1
1:A:233:PHE:O	1:A:238:GLN:HB2	0.70	1.86	1	1
1:A:42:LEU:CD2	1:A:45:SER:OG	0.70	2.40	1	1
1:A:46:ILE:CG2	1:A:49:ASN:ND2	0.70	2.54	1	1
1:A:105:TYR:OH	1:A:260:LYS:CE	0.69	2.40	12	2
1:A:62:THR:CG2	1:A:62:THR:O	0.69	2.40	6	9
1:A:147:PHE:CZ	1:A:232:ILE:HG12	0.69	2.21	3	4
1:A:84:PHE:CD1	1:A:84:PHE:C	0.69	2.65	12	3
1:A:146:SER:O	1:A:235:GLU:CB	0.69	2.40	13	1
1:A:230:LEU:CD1	1:A:242:GLY:N	0.69	2.55	13	3
1:A:172:LEU:HD13	1:A:228:TYR:OH	0.69	1.87	4	1
1:A:197:VAL:CG2	1:A:223:ASP:OD2	0.69	2.40	8	2
1:A:151:PRO:O	1:A:152:LYS:CD	0.69	2.39	12	1
1:A:172:LEU:CB	1:A:174:TYR:OH	0.69	2.40	16	2
1:A:112:LEU:HD11	1:A:258:ALA:HB1	0.69	1.64	17	1
1:A:49:ASN:O	1:A:88:ILE:CG1	0.69	2.40	10	4
1:A:19:GLY:O	1:A:22:LEU:CD2	0.69	2.40	17	11
1:A:23:ALA:HA	1:A:56:ALA:HB3	0.69	1.63	16	10
1:A:177:ASP:HB3	1:A:181:LYS:CB	0.69	2.18	11	5
1:A:46:ILE:CD1	1:A:63:TYR:O	0.69	2.40	3	1
1:A:49:ASN:HA	1:A:88:ILE:CG2	0.69	2.17	9	6
1:A:136:ARG:CZ	1:A:137:ILE:O	0.69	2.40	15	1
1:A:180:ALA:O	1:A:181:LYS:CD	0.69	2.40	8	3
1:A:107:GLN:OE1	1:A:141:ALA:CB	0.69	2.40	13	1
1:A:162:ALA:O	1:A:170:GLY:CA	0.69	2.40	6	1
1:A:85:ILE:CD1	1:A:87:GLN:OE1	0.69	2.40	14	1
1:A:233:PHE:CD1	1:A:239:GLU:OE1	0.69	2.45	8	1
1:A:234:GLY:HA2	1:A:238:GLN:CG	0.69	2.17	1	1
1:A:63:TYR:CZ	1:A:69:LEU:HD12	0.69	2.23	1	1
1:A:119:GLN:CG	1:A:130:VAL:O	0.69	2.40	17	1
1:A:54:LEU:HD13	1:A:82:PHE:CE2	0.69	2.21	17	2
1:A:150:LEU:CD1	1:A:150:LEU:O	0.69	2.40	3	2
1:A:152:LYS:O	1:A:154:VAL:CG1	0.69	2.39	3	1
1:A:79:VAL:CG2	1:A:105:TYR:CZ	0.69	2.74	3	5
1:A:90:VAL:CG2	1:A:94:LEU:O	0.69	2.37	3	1
1:A:121:GLN:O	1:A:130:VAL:CG2	0.69	2.40	6	2
1:A:105:TYR:O	1:A:111:ALA:HB1	0.69	1.88	7	5
1:A:107:GLN:OE1	1:A:239:GLU:CB	0.69	2.40	1	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:149:LYS:HZ1	1:A:235:GLU:CG	0.69	2.01	7	1
1:A:26:LEU:HD21	1:A:54:LEU:CD1	0.69	2.16	12	2
1:A:150:LEU:CD2	1:A:150:LEU:O	0.69	2.40	12	1
1:A:153:ASP:OD1	1:A:181:LYS:CE	0.69	2.40	9	1
1:A:103:GLN:CG	1:A:163:PHE:CE1	0.69	2.76	16	1
1:A:196:ASN:N	1:A:196:ASN:ND2	0.69	2.37	17	6
1:A:158:TYR:OH	1:A:238:GLN:CG	0.69	2.40	3	3
1:A:146:SER:O	1:A:148:ASP:N	0.69	2.26	5	12
1:A:224:GLU:O	1:A:225:LYS:CD	0.69	2.40	7	4
1:A:112:LEU:CD2	1:A:239:GLU:OE1	0.69	2.40	10	2
1:A:146:SER:N	1:A:210:HIS:O	0.69	2.25	12	13
1:A:212:ALA:CB	1:A:232:ILE:O	0.69	2.39	3	4
1:A:147:PHE:CZ	1:A:235:GLU:HB3	0.69	2.23	11	1
1:A:232:ILE:HB	1:A:240:VAL:HG23	0.69	1.62	4	4
1:A:180:ALA:O	1:A:181:LYS:CE	0.69	2.40	11	1
1:A:230:LEU:C	1:A:230:LEU:HD23	0.69	2.08	13	1
1:A:152:LYS:O	1:A:179:ALA:CB	0.69	2.40	5	2
1:A:102:PHE:CE2	1:A:115:LEU:HD21	0.69	2.22	7	1
1:A:71:THR:HB	1:A:74:LEU:HD12	0.69	1.64	14	1
1:A:197:VAL:CG2	1:A:224:GLU:OE2	0.69	2.40	9	1
1:A:177:ASP:CB	1:A:182:GLN:HB2	0.69	2.18	17	4
1:A:218:VAL:CG2	1:A:227:SER:O	0.69	2.40	17	1
1:A:26:LEU:CD2	1:A:54:LEU:HD12	0.69	2.16	14	5
1:A:137:ILE:C	1:A:137:ILE:HD13	0.69	2.08	15	1
1:A:168:ALA:HB3	1:A:190:LEU:CD2	0.69	2.14	15	1
1:A:214:ILE:CG1	1:A:232:ILE:CD1	0.69	2.70	1	2
1:A:77:ASP:OD1	1:A:260:LYS:CD	0.69	2.40	13	1
1:A:197:VAL:HA	1:A:220:TYR:CD1	0.69	2.22	8	4
1:A:178:PHE:O	1:A:180:ALA:N	0.69	2.26	12	8
1:A:80:SER:CB	1:A:104:VAL:O	0.69	2.40	7	3
1:A:140:ILE:O	1:A:140:ILE:CG2	0.69	2.41	13	8
1:A:158:TYR:CD2	1:A:261:GLN:O	0.69	2.45	3	2
1:A:181:LYS:CG	1:A:203:TYR:O	0.69	2.40	14	3
1:A:102:PHE:CE1	1:A:115:LEU:HD22	0.69	2.20	15	1
1:A:135:PHE:C	1:A:135:PHE:CD1	0.69	2.66	6	2
1:A:24:ASP:CB	1:A:28:ALA:O	0.69	2.40	7	1
1:A:199:LEU:CD2	1:A:228:TYR:CE1	0.69	2.68	6	1
1:A:203:TYR:CZ	1:A:214:ILE:HG23	0.69	2.20	9	1
1:A:227:SER:N	1:A:245:GLU:O	0.69	2.26	1	13
1:A:41:THR:OG1	1:A:68:SER:CB	0.69	2.40	5	5
1:A:20:THR:CG2	1:A:57:GLN:O	0.69	2.40	9	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:22:LEU:O	1:A:26:LEU:CD1	0.69	2.40	7	5
1:A:235:GLU:O	1:A:261:GLN:CB	0.69	2.40	11	2
1:A:182:GLN:O	1:A:203:TYR:CB	0.69	2.40	13	1
1:A:72:GLY:O	1:A:73:LYS:CG	0.69	2.40	7	3
1:A:197:VAL:HG12	1:A:220:TYR:HB2	0.69	1.62	5	1
1:A:32:HIS:O	1:A:33:LYS:CE	0.69	2.40	6	1
1:A:98:GLU:CG	1:A:119:GLN:O	0.69	2.40	16	2
1:A:152:LYS:O	1:A:180:ALA:CB	0.69	2.40	8	1
1:A:88:ILE:HD13	1:A:94:LEU:HD22	0.69	1.63	16	1
1:A:234:GLY:O	1:A:236:LYS:N	0.69	2.25	3	11
1:A:220:TYR:CE2	1:A:222:GLN:HB2	0.69	2.22	13	6
1:A:26:LEU:O	1:A:61:LYS:CD	0.69	2.40	17	1
1:A:86:ARG:CG	1:A:86:ARG:O	0.69	2.41	4	4
1:A:63:TYR:CZ	1:A:68:SER:O	0.69	2.45	17	4
1:A:39:SER:O	1:A:40:LEU:CD2	0.69	2.41	3	7
1:A:204:ILE:CD1	1:A:213:VAL:HG21	0.69	2.15	10	1
1:A:214:ILE:O	1:A:214:ILE:HG22	0.69	1.86	10	3
1:A:120:GLU:O	1:A:130:VAL:CB	0.69	2.40	3	1
1:A:63:TYR:CD2	1:A:67:ASP:HB2	0.69	2.23	3	2
1:A:74:LEU:HD23	1:A:78:LYS:CB	0.69	2.17	1	3
1:A:37:LEU:O	1:A:72:GLY:CA	0.69	2.40	15	4
1:A:135:PHE:CD1	1:A:163:PHE:CE2	0.69	2.80	15	1
1:A:183:GLY:CA	1:A:201:VAL:O	0.69	2.40	15	2
1:A:174:TYR:OH	1:A:201:VAL:CG2	0.69	2.40	15	1
1:A:129:MET:O	1:A:129:MET:CE	0.69	2.39	15	2
1:A:105:TYR:CE1	1:A:258:ALA:HB1	0.69	2.22	11	1
1:A:90:VAL:HB	1:A:93:GLN:CG	0.69	2.17	11	1
1:A:52:LEU:CD2	1:A:63:TYR:O	0.69	2.40	13	1
1:A:158:TYR:CE2	1:A:232:ILE:CD1	0.69	2.75	14	4
1:A:105:TYR:CG	1:A:112:LEU:HD12	0.69	2.22	16	4
1:A:104:VAL:HG13	1:A:113:THR:HG23	0.69	1.62	7	1
1:A:166:ASP:HB3	1:A:253:HIS:CG	0.69	2.23	6	1
1:A:230:LEU:HD23	1:A:242:GLY:C	0.69	2.08	9	2
1:A:254:HIS:CD2	1:A:254:HIS:N	0.69	2.58	9	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:260:LYS:CB	0.69	2.40	8	1
1:A:150:LEU:O	1:A:150:LEU:CD1	0.69	2.40	17	4
1:A:144:HIS:CE1	1:A:235:GLU:HB2	0.69	2.23	17	1
1:A:156:ALA:O	1:A:158:TYR:CE2	0.69	2.46	10	1
1:A:207:ASP:OD1	1:A:213:VAL:CG1	0.69	2.40	5	3
1:A:178:PHE:CE2	1:A:181:LYS:HG2	0.69	2.23	11	1
1:A:152:LYS:O	1:A:179:ALA:N	0.69	2.26	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:244:ALA:HB3	1:A:255:ILE:HD11	0.69	1.61	9	2
1:A:137:ILE:O	1:A:137:ILE:CD1	0.69	2.40	16	2
1:A:175:THR:CG2	1:A:175:THR:O	0.69	2.40	2	3
1:A:150:LEU:HD23	1:A:151:PRO:HD3	0.69	1.65	16	6
1:A:129:MET:CE	1:A:129:MET:CA	0.69	2.71	11	1
1:A:77:ASP:O	1:A:78:LYS:CG	0.69	2.41	8	2
1:A:145:THR:O	1:A:147:PHE:N	0.69	2.25	4	2
1:A:145:THR:CG2	1:A:235:GLU:CA	0.69	2.69	5	3
1:A:172:LEU:CD2	1:A:228:TYR:OH	0.69	2.40	8	1
1:A:27:THR:O	1:A:29:PRO:N	0.68	2.26	10	4
1:A:114:ALA:HB1	1:A:135:PHE:CE1	0.68	2.22	10	2
1:A:239:GLU:OE1	1:A:260:LYS:CB	0.68	2.40	15	3
1:A:75:LYS:O	1:A:78:LYS:CD	0.68	2.41	11	1
1:A:209:LYS:HB3	1:A:210:HIS:CE1	0.68	2.23	7	2
1:A:116:GLN:CD	1:A:168:ALA:HB1	0.68	2.08	14	1
1:A:203:TYR:CE2	1:A:232:ILE:HD13	0.68	2.24	1	2
1:A:172:LEU:HD12	1:A:259:ALA:HB2	0.68	1.63	16	1
1:A:177:ASP:CB	1:A:182:GLN:HB3	0.68	2.18	4	6
1:A:24:ASP:O	1:A:28:ALA:CB	0.68	2.40	12	7
1:A:251:GLY:O	1:A:253:HIS:NE2	0.68	2.26	10	8
1:A:205:LYS:HB2	1:A:206:PRO:CD	0.68	2.18	6	14
1:A:199:LEU:CD1	1:A:200:ALA:N	0.68	2.53	3	8
1:A:163:PHE:CE2	1:A:168:ALA:O	0.68	2.47	10	1
1:A:143:GLU:CB	1:A:233:PHE:CG	0.68	2.77	3	1
1:A:184:HIS:ND1	1:A:199:LEU:O	0.68	2.27	4	5
1:A:197:VAL:CG2	1:A:223:ASP:CB	0.68	2.70	4	1
1:A:144:HIS:N	1:A:144:HIS:CD2	0.68	2.60	17	7
1:A:187:ILE:CG2	1:A:197:VAL:CG2	0.68	2.71	17	3
1:A:177:ASP:HB3	1:A:182:GLN:CB	0.68	2.19	4	6
1:A:112:LEU:CD1	1:A:239:GLU:OE2	0.68	2.40	10	1
1:A:82:PHE:CE1	1:A:102:PHE:HB3	0.68	2.23	11	6
1:A:63:TYR:OH	1:A:69:LEU:CD2	0.68	2.41	8	2
1:A:216:GLY:O	1:A:228:TYR:N	0.68	2.27	14	6
1:A:197:VAL:CG1	1:A:219:LEU:O	0.68	2.40	15	4
1:A:73:LYS:O	1:A:73:LYS:CG	0.68	2.41	15	1
1:A:116:GLN:OE1	1:A:168:ALA:CB	0.68	2.42	14	1
1:A:129:MET:CA	1:A:129:MET:CE	0.68	2.71	8	1
1:A:177:ASP:HB2	1:A:182:GLN:CB	0.68	2.19	13	3
1:A:207:ASP:HB3	1:A:211:HIS:CD2	0.68	2.23	10	2
1:A:135:PHE:CE2	1:A:163:PHE:CE2	0.68	2.81	15	2
1:A:42:LEU:CD1	1:A:43:GLU:O	0.68	2.40	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:46:ILE:CD1	1:A:67:ASP:OD1	0.68	2.40	14	2
1:A:188:GLU:O	1:A:190:LEU:N	0.68	2.25	14	1
1:A:77:ASP:CG	1:A:260:LYS:CB	0.68	2.62	14	1
1:A:176:ILE:HD13	1:A:203:TYR:CE2	0.68	2.23	9	1
1:A:183:GLY:O	1:A:201:VAL:O	0.68	2.11	15	15
1:A:153:ASP:OD1	1:A:179:ALA:HB3	0.68	1.89	3	2
1:A:201:VAL:HG23	1:A:215:SER:O	0.68	1.88	3	1
1:A:87:GLN:OE1	1:A:97:LEU:CA	0.68	2.41	15	1
1:A:107:GLN:NE2	1:A:238:GLN:OE1	0.68	2.27	7	2
1:A:158:TYR:CD2	1:A:261:GLN:HA	0.68	2.23	7	2
1:A:148:ASP:OD1	1:A:205:LYS:CD	0.68	2.41	6	1
1:A:233:PHE:CE2	1:A:239:GLU:HB2	0.68	2.24	1	2
1:A:197:VAL:CG1	1:A:219:LEU:CA	0.68	2.70	10	2
1:A:137:ILE:HD12	1:A:163:PHE:CE2	0.68	2.24	3	1
1:A:116:GLN:NE2	1:A:167:ASP:O	0.68	2.27	2	1
1:A:172:LEU:CG	1:A:259:ALA:HB2	0.68	2.18	6	2
1:A:232:ILE:CD1	1:A:239:GLU:O	0.68	2.42	14	2
1:A:161:THR:C	1:A:172:LEU:CD2	0.68	2.62	11	3
1:A:107:GLN:CG	1:A:239:GLU:OE2	0.68	2.41	4	1
1:A:52:LEU:N	1:A:52:LEU:HD23	0.68	2.03	4	2
1:A:103:GLN:HG3	1:A:163:PHE:CE1	0.68	2.22	16	1
1:A:214:ILE:CD1	1:A:232:ILE:CG2	0.68	2.71	17	2
1:A:197:VAL:CG1	1:A:219:LEU:C	0.68	2.62	11	7
1:A:140:ILE:C	1:A:140:ILE:HD13	0.68	2.08	10	4
1:A:112:LEU:HD21	1:A:239:GLU:OE1	0.68	1.88	10	3
1:A:43:GLU:O	1:A:45:SER:N	0.68	2.27	9	6
1:A:42:LEU:HD12	1:A:42:LEU:N	0.68	2.03	9	3
1:A:176:ILE:HG22	1:A:183:GLY:HA3	0.68	1.63	3	1
1:A:90:VAL:O	1:A:92:GLY:N	0.68	2.27	3	1
1:A:162:ALA:CB	1:A:172:LEU:HD22	0.68	2.19	15	2
1:A:93:GLN:CG	1:A:94:LEU:N	0.68	2.56	11	1
1:A:85:ILE:CG2	1:A:85:ILE:O	0.68	2.41	4	1
1:A:178:PHE:O	1:A:203:TYR:CD1	0.68	2.47	5	1
1:A:142:GLY:C	1:A:211:HIS:HE2	0.68	1.91	9	1
1:A:32:HIS:C	1:A:33:LYS:CG	0.68	2.62	1	1
1:A:46:ILE:O	1:A:65:ASN:ND2	0.68	2.27	1	12
1:A:188:GLU:CB	1:A:196:ASN:CG	0.68	2.62	12	5
1:A:62:THR:HG23	1:A:62:THR:O	0.68	1.89	2	9
1:A:49:ASN:C	1:A:88:ILE:CG2	0.68	2.62	13	11
1:A:230:LEU:CD1	1:A:257:LEU:HD12	0.68	2.19	7	5
1:A:150:LEU:CD2	1:A:151:PRO:CD	0.68	2.71	6	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:155:MET:CG	1:A:177:ASP:CG	0.68	2.63	11	2
1:A:147:PHE:CD2	1:A:178:PHE:CE1	0.68	2.82	7	1
1:A:20:THR:HG22	1:A:58:GLY:HA3	0.68	1.63	7	1
1:A:196:ASN:O	1:A:197:VAL:CG2	0.68	2.40	1	2
1:A:154:VAL:HB	1:A:178:PHE:CD2	0.68	2.23	8	4
1:A:49:ASN:O	1:A:51:THR:N	0.68	2.26	1	1
1:A:172:LEU:HD13	1:A:174:TYR:HD1	0.68	1.49	17	1
1:A:77:ASP:HB2	1:A:260:LYS:CD	0.68	2.19	10	4
1:A:112:LEU:CD2	1:A:239:GLU:CD	0.68	2.62	10	2
1:A:112:LEU:CD2	1:A:239:GLU:OE2	0.68	2.42	2	3
1:A:154:VAL:N	1:A:177:ASP:OD1	0.68	2.27	3	1
1:A:220:TYR:O	1:A:222:GLN:N	0.68	2.27	11	3
1:A:115:LEU:HD12	1:A:136:ARG:CD	0.68	2.19	13	1
1:A:214:ILE:HG12	1:A:232:ILE:HG21	0.68	1.66	13	1
1:A:158:TYR:OH	1:A:232:ILE:HD11	0.68	1.88	7	3
1:A:141:ALA:O	1:A:143:GLU:N	0.68	2.27	5	2
1:A:184:HIS:NE2	1:A:185:GLY:O	0.68	2.27	7	1
1:A:151:PRO:C	1:A:152:LYS:CD	0.68	2.62	8	4
1:A:172:LEU:HD13	1:A:174:TYR:CD1	0.68	2.24	17	1
1:A:163:PHE:C	1:A:163:PHE:CD1	0.68	2.67	11	4
1:A:187:ILE:HG21	1:A:218:VAL:HG21	0.68	1.66	10	2
1:A:104:VAL:HG22	1:A:113:THR:HG23	0.68	1.64	1	4
1:A:207:ASP:OD1	1:A:208:GLU:N	0.68	2.27	9	9
1:A:87:GLN:OE1	1:A:98:GLU:N	0.68	2.27	5	2
1:A:113:THR:O	1:A:138:GLY:N	0.68	2.25	1	2
1:A:178:PHE:CE1	1:A:181:LYS:HG3	0.68	2.24	11	1
1:A:77:ASP:OD1	1:A:261:GLN:NE2	0.68	2.27	9	1
1:A:174:TYR:CD1	1:A:199:LEU:HD23	0.68	2.23	16	1
1:A:145:THR:HG23	1:A:211:HIS:CD2	0.67	2.23	17	1
1:A:31:ASP:O	1:A:33:LYS:N	0.67	2.27	8	3
1:A:146:SER:O	1:A:149:LYS:N	0.67	2.26	9	5
1:A:234:GLY:HA3	1:A:238:GLN:CG	0.67	2.19	1	2
1:A:178:PHE:CZ	1:A:181:LYS:HE2	0.67	2.23	11	1
1:A:26:LEU:HD11	1:A:56:ALA:HB2	0.67	1.66	13	1
1:A:145:THR:HG21	1:A:233:PHE:HA	0.67	1.66	4	2
1:A:48:GLN:N	1:A:65:ASN:OD1	0.67	2.27	4	2
1:A:64:GLY:N	1:A:67:ASP:OD1	0.67	2.27	1	1
1:A:239:GLU:CD	1:A:260:LYS:CB	0.67	2.63	16	1
1:A:214:ILE:HD12	1:A:232:ILE:CG2	0.67	2.19	17	2
1:A:93:GLN:O	1:A:95:ILE:CD1	0.67	2.40	14	13
1:A:96:THR:CG2	1:A:98:GLU:OE1	0.67	2.42	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:61:LYS:HG2	1:A:63:TYR:CE1	0.67	2.24	1	4
1:A:231:GLY:C	1:A:240:VAL:HG23	0.67	2.08	2	1
1:A:149:LYS:HG2	1:A:150:LEU:HD23	0.67	1.67	7	1
1:A:46:ILE:CD1	1:A:67:ASP:OD2	0.67	2.42	14	1
1:A:238:GLN:O	1:A:261:GLN:NE2	0.67	2.27	1	1
1:A:147:PHE:O	1:A:150:LEU:N	0.67	2.27	17	5
1:A:153:ASP:C	1:A:178:PHE:CD1	0.67	2.67	10	1
1:A:207:ASP:CG	1:A:213:VAL:CG1	0.67	2.62	3	2
1:A:112:LEU:CD2	1:A:112:LEU:N	0.67	2.57	1	2
1:A:42:LEU:HD11	1:A:67:ASP:HB2	0.67	1.66	14	2
1:A:156:ALA:CB	1:A:235:GLU:CD	0.67	2.62	9	1
1:A:143:GLU:O	1:A:145:THR:N	0.67	2.27	14	7
1:A:171:LYS:N	1:A:189:HIS:O	0.67	2.27	10	1
1:A:203:TYR:CZ	1:A:232:ILE:HG21	0.67	2.25	2	2
1:A:150:LEU:O	1:A:150:LEU:CD2	0.67	2.42	15	1
1:A:176:ILE:HG21	1:A:214:ILE:HD11	0.67	1.65	15	1
1:A:77:ASP:N	1:A:77:ASP:OD1	0.67	2.27	4	2
1:A:141:ALA:CB	1:A:233:PHE:CZ	0.67	2.77	14	4
1:A:154:VAL:HB	1:A:178:PHE:CE2	0.67	2.25	8	4
1:A:120:GLU:CG	1:A:121:GLN:N	0.67	2.57	14	1
1:A:153:ASP:OD1	1:A:180:ALA:N	0.67	2.27	17	2
1:A:218:VAL:HG23	1:A:227:SER:C	0.67	2.10	7	2
1:A:207:ASP:CA	1:A:213:VAL:HG12	0.67	2.18	10	1
1:A:200:ALA:O	1:A:201:VAL:HG23	0.67	1.89	7	2
1:A:20:THR:HG22	1:A:57:GLN:HB3	0.67	1.66	8	3
1:A:42:LEU:HD13	1:A:67:ASP:OD2	0.67	1.89	3	2
1:A:203:TYR:C	1:A:204:ILE:HD13	0.67	2.10	2	2
1:A:165:SER:HB2	1:A:254:HIS:CD2	0.67	2.23	13	4
1:A:69:LEU:CD1	1:A:69:LEU:C	0.67	2.63	4	1
1:A:135:PHE:CZ	1:A:254:HIS:CD2	0.67	2.82	16	2
1:A:49:ASN:OD1	1:A:86:ARG:NH2	0.67	2.27	1	1
1:A:54:LEU:O	1:A:60:GLU:CB	0.67	2.42	17	5
1:A:153:ASP:HA	1:A:178:PHE:CD2	0.67	2.25	11	3
1:A:246:VAL:HG12	1:A:246:VAL:O	0.67	1.89	1	4
1:A:147:PHE:CZ	1:A:232:ILE:CG1	0.67	2.78	3	3
1:A:115:LEU:HD23	1:A:115:LEU:N	0.67	2.03	15	1
1:A:71:THR:O	1:A:72:GLY:C	0.67	2.31	13	5
1:A:77:ASP:CG	1:A:260:LYS:CD	0.67	2.62	4	2
1:A:251:GLY:O	1:A:252:ILE:HD12	0.67	1.88	8	3
1:A:145:THR:OG1	1:A:149:LYS:NZ	0.67	2.27	7	1
1:A:235:GLU:OE1	1:A:236:LYS:CE	0.67	2.43	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:184:HIS:HA	1:A:201:VAL:HG23	0.67	1.66	6	1
1:A:116:GLN:HG2	1:A:135:PHE:CD2	0.67	2.25	17	1
1:A:79:VAL:CG2	1:A:81:ARG:HD3	0.67	2.20	10	2
1:A:177:ASP:HB2	1:A:181:LYS:CG	0.67	2.18	6	2
1:A:153:ASP:HA	1:A:178:PHE:CE1	0.67	2.25	4	3
1:A:71:THR:HG22	1:A:74:LEU:CD1	0.67	2.20	1	3
1:A:140:ILE:CD1	1:A:141:ALA:N	0.67	2.52	11	1
1:A:150:LEU:HB3	1:A:151:PRO:CD	0.67	2.20	5	4
1:A:42:LEU:CD2	1:A:67:ASP:HB2	0.67	2.19	11	3
1:A:107:GLN:CD	1:A:112:LEU:CD2	0.67	2.62	13	1
1:A:25:ALA:CB	1:A:71:THR:HG23	0.67	2.20	4	1
1:A:199:LEU:HD22	1:A:228:TYR:CD1	0.67	2.24	6	1
1:A:153:ASP:CA	1:A:180:ALA:HB3	0.67	2.20	6	1
1:A:140:ILE:O	1:A:140:ILE:CG1	0.67	2.42	14	1
1:A:110:SER:OG	1:A:111:ALA:N	0.67	2.27	12	1
1:A:113:THR:N	1:A:139:ASP:OD1	0.67	2.27	15	2
1:A:197:VAL:HG13	1:A:220:TYR:CB	0.67	2.20	14	4
1:A:178:PHE:HD2	1:A:180:ALA:HB3	0.67	1.44	10	1
1:A:138:GLY:O	1:A:140:ILE:N	0.67	2.27	11	1
1:A:188:GLU:HB2	1:A:196:ASN:ND2	0.67	2.05	13	5
1:A:162:ALA:HB3	1:A:170:GLY:HA3	0.67	1.67	4	5
1:A:156:ALA:O	1:A:176:ILE:N	0.67	2.26	1	2
1:A:71:THR:CB	1:A:74:LEU:HD13	0.67	2.19	1	3
1:A:253:HIS:CD2	1:A:253:HIS:N	0.67	2.62	6	8
1:A:148:ASP:CG	1:A:205:LYS:CD	0.67	2.62	10	2
1:A:115:LEU:HD12	1:A:136:ARG:HB3	0.67	1.66	13	2
1:A:42:LEU:HD12	1:A:68:SER:HA	0.67	1.65	4	6
1:A:87:GLN:C	1:A:88:ILE:HD12	0.67	2.10	3	2
1:A:115:LEU:HD12	1:A:116:GLN:N	0.67	2.05	4	3
1:A:147:PHE:HA	1:A:151:PRO:CG	0.67	2.19	11	3
1:A:220:TYR:HB3	1:A:223:ASP:CB	0.67	2.20	8	2
1:A:151:PRO:HG3	1:A:178:PHE:CE1	0.67	2.25	6	1
1:A:76:ASN:OD1	1:A:76:ASN:N	0.67	2.27	6	1
1:A:104:VAL:HG22	1:A:113:THR:CG2	0.67	2.20	9	1
1:A:81:ARG:CA	1:A:102:PHE:O	0.67	2.43	7	4
1:A:177:ASP:HB2	1:A:181:LYS:CB	0.67	2.20	8	4
1:A:210:HIS:CE1	1:A:211:HIS:CD2	0.67	2.82	5	3
1:A:97:LEU:N	1:A:121:GLN:OE1	0.67	2.28	13	2
1:A:46:ILE:HD11	1:A:67:ASP:OD2	0.67	1.90	14	1
1:A:61:LYS:CG	1:A:63:TYR:CE1	0.67	2.77	1	1
1:A:207:ASP:CB	1:A:211:HIS:CD2	0.66	2.78	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:172:LEU:CB	1:A:187:ILE:CG2	0.66	2.73	3	1
1:A:187:ILE:CG2	1:A:197:VAL:HG12	0.66	2.20	2	1
1:A:49:ASN:C	1:A:88:ILE:HG21	0.66	2.10	2	11
1:A:154:VAL:O	1:A:178:PHE:N	0.66	2.25	8	4
1:A:141:ALA:HB3	1:A:144:HIS:HD2	0.66	1.45	15	2
1:A:170:GLY:HA3	1:A:189:HIS:CG	0.66	2.25	15	1
1:A:162:ALA:HB2	1:A:172:LEU:CD2	0.66	2.19	4	6
1:A:28:ALA:O	1:A:70:ASN:ND2	0.66	2.28	15	2
1:A:107:GLN:OE1	1:A:110:SER:CB	0.66	2.43	11	1
1:A:70:ASN:O	1:A:71:THR:CG2	0.66	2.41	13	2
1:A:195:LEU:CD1	1:A:195:LEU:N	0.66	2.58	4	3
1:A:145:THR:HG21	1:A:233:PHE:CA	0.66	2.21	4	1
1:A:237:ALA:O	1:A:261:GLN:NE2	0.66	2.27	4	3
1:A:199:LEU:H	1:A:199:LEU:HD22	0.66	1.50	7	1
1:A:170:GLY:N	1:A:189:HIS:CG	0.66	2.63	9	2
1:A:57:GLN:OE1	1:A:81:ARG:NH1	0.66	2.28	8	1
1:A:143:GLU:O	1:A:233:PHE:CB	0.66	2.43	1	1
1:A:162:ALA:HB1	1:A:257:LEU:HD23	0.66	1.64	12	15
1:A:172:LEU:HB2	1:A:187:ILE:CG2	0.66	2.20	3	1
1:A:88:ILE:N	1:A:88:ILE:CD1	0.66	2.56	3	1
1:A:203:TYR:CE2	1:A:214:ILE:HG12	0.66	2.25	11	2
1:A:228:TYR:CZ	1:A:257:LEU:CD1	0.66	2.79	11	3
1:A:38:LYS:CD	1:A:78:LYS:CG	0.66	2.73	4	1
1:A:181:LYS:CG	1:A:181:LYS:O	0.66	2.41	7	2
1:A:106:LYS:CD	1:A:111:ALA:CB	0.66	2.73	6	1
1:A:170:GLY:C	1:A:189:HIS:ND1	0.66	2.49	9	1
1:A:77:ASP:CB	1:A:260:LYS:HD2	0.66	2.20	10	6
1:A:174:TYR:HE1	1:A:199:LEU:HD13	0.66	1.49	13	4
1:A:203:TYR:CE1	1:A:232:ILE:HG21	0.66	2.24	8	5
1:A:247:GLU:CG	1:A:252:ILE:HG23	0.66	2.20	10	1
1:A:232:ILE:HD12	1:A:240:VAL:HB	0.66	1.66	3	2
1:A:203:TYR:CD2	1:A:232:ILE:HG21	0.66	2.25	9	1
1:A:84:PHE:CE1	1:A:102:PHE:HB2	0.66	2.25	1	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:109:HIS:N	0.66	2.27	10	1
1:A:77:ASP:CB	1:A:260:LYS:HD3	0.66	2.19	7	6
1:A:176:ILE:HB	1:A:203:TYR:CD2	0.66	2.25	7	1
1:A:165:SER:OG	1:A:166:ASP:N	0.66	2.27	14	1
1:A:121:GLN:HB3	1:A:129:MET:CE	0.66	2.21	12	1
1:A:57:GLN:NE2	1:A:81:ARG:CZ	0.66	2.59	8	1
1:A:174:TYR:CE2	1:A:184:HIS:C	0.66	2.69	17	1
1:A:26:LEU:N	1:A:26:LEU:CD1	0.66	2.59	6	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:230:LEU:CD1	1:A:257:LEU:CD1	0.66	2.66	1	6
1:A:187:ILE:HD12	1:A:187:ILE:C	0.66	2.10	15	1
1:A:222:GLN:O	1:A:223:ASP:C	0.66	2.34	15	1
1:A:76:ASN:ND2	1:A:108:SER:O	0.66	2.29	13	1
1:A:201:VAL:CG1	1:A:214:ILE:HD12	0.66	2.21	7	1
1:A:54:LEU:CD1	1:A:82:PHE:CE1	0.66	2.78	7	1
1:A:151:PRO:HA	1:A:178:PHE:CE2	0.66	2.25	9	1
1:A:79:VAL:HB	1:A:105:TYR:CE2	0.66	2.26	7	2
1:A:144:HIS:CG	1:A:235:GLU:CG	0.66	2.78	2	1
1:A:232:ILE:HG12	1:A:240:VAL:CG2	0.66	2.20	1	2
1:A:158:TYR:CD1	1:A:240:VAL:CG1	0.66	2.79	9	3
1:A:76:ASN:O	1:A:77:ASP:C	0.66	2.34	11	1
1:A:207:ASP:N	1:A:211:HIS:O	0.66	2.27	8	4
1:A:79:VAL:HG13	1:A:105:TYR:HA	0.66	1.65	5	3
1:A:218:VAL:HB	1:A:228:TYR:CD2	0.66	2.26	6	1
1:A:42:LEU:HD12	1:A:67:ASP:C	0.66	2.11	12	1
1:A:228:TYR:CE2	1:A:230:LEU:CD1	0.66	2.73	17	2
1:A:54:LEU:O	1:A:60:GLU:CA	0.66	2.44	17	6
1:A:30:LEU:CD1	1:A:38:LYS:HB3	0.66	2.21	17	1
1:A:218:VAL:HG12	1:A:227:SER:N	0.66	2.06	10	3
1:A:82:PHE:CE1	1:A:102:PHE:CD2	0.66	2.84	3	7
1:A:89:GLU:HG3	1:A:95:ILE:CG1	0.66	2.21	8	6
1:A:176:ILE:CD1	1:A:232:ILE:HD13	0.66	2.21	13	1
1:A:176:ILE:CG1	1:A:183:GLY:HA2	0.66	2.21	2	6
1:A:32:HIS:O	1:A:33:LYS:CG	0.66	2.44	5	7
1:A:172:LEU:HD12	1:A:174:TYR:HE1	0.66	1.48	3	2
1:A:85:ILE:CG2	1:A:87:GLN:CD	0.66	2.64	11	5
1:A:37:LEU:CD2	1:A:37:LEU:N	0.66	2.57	15	4
1:A:197:VAL:CG2	1:A:223:ASP:CG	0.66	2.64	4	1
1:A:234:GLY:CA	1:A:238:GLN:HB3	0.66	2.21	4	3
1:A:151:PRO:CA	1:A:179:ALA:HB2	0.66	2.20	7	2
1:A:158:TYR:CZ	1:A:238:GLN:HB3	0.66	2.24	17	2
1:A:144:HIS:CG	1:A:235:GLU:HB2	0.66	2.25	2	1
1:A:85:ILE:HD13	1:A:87:GLN:NE2	0.66	2.06	13	1
1:A:197:VAL:HG22	1:A:223:ASP:HB3	0.66	1.68	4	1
1:A:174:TYR:OH	1:A:240:VAL:HG11	0.66	1.91	14	1
1:A:174:TYR:CZ	1:A:199:LEU:CD2	0.66	2.79	1	2
1:A:64:GLY:N	1:A:67:ASP:CG	0.66	2.49	1	1
1:A:74:LEU:CD2	1:A:106:LYS:HB2	0.66	2.21	1	1
1:A:96:THR:O	1:A:97:LEU:CG	0.66	2.44	9	9
1:A:30:LEU:CD1	1:A:38:LYS:CB	0.66	2.74	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:79:VAL:CG2	1:A:80:SER:N	0.66	2.59	10	3
1:A:203:TYR:CE1	1:A:204:ILE:O	0.66	2.49	15	3
1:A:158:TYR:CE2	1:A:238:GLN:HB3	0.66	2.26	8	2
1:A:86:ARG:NH2	1:A:117:THR:OG1	0.66	2.27	2	4
1:A:135:PHE:CZ	1:A:163:PHE:CE2	0.66	2.84	15	1
1:A:63:TYR:CD2	1:A:67:ASP:HB3	0.66	2.26	15	2
1:A:38:LYS:HE2	1:A:78:LYS:CD	0.66	2.21	4	1
1:A:184:HIS:CG	1:A:199:LEU:O	0.66	2.49	7	1
1:A:228:TYR:CE1	1:A:257:LEU:HD13	0.65	2.25	17	1
1:A:174:TYR:CD1	1:A:185:GLY:HA3	0.65	2.25	6	3
1:A:162:ALA:N	1:A:170:GLY:O	0.65	2.29	14	5
1:A:177:ASP:HB3	1:A:181:LYS:CG	0.65	2.20	10	2
1:A:233:PHE:O	1:A:237:ALA:O	0.65	2.14	15	5
1:A:203:TYR:CD2	1:A:214:ILE:HG12	0.65	2.26	11	1
1:A:157:THR:O	1:A:158:TYR:CD1	0.65	2.49	6	6
1:A:112:LEU:HA	1:A:139:ASP:O	0.65	1.91	1	1
1:A:147:PHE:CE2	1:A:203:TYR:CZ	0.65	2.84	1	2
1:A:230:LEU:CD2	1:A:257:LEU:HB2	0.65	2.21	15	9
1:A:201:VAL:CG2	1:A:215:SER:N	0.65	2.58	3	1
1:A:171:LYS:CB	1:A:188:GLU:HB2	0.65	2.21	2	2
1:A:234:GLY:O	1:A:238:GLN:N	0.65	2.26	11	2
1:A:129:MET:HE3	1:A:129:MET:CA	0.65	2.21	11	1
1:A:189:HIS:CE1	1:A:246:VAL:HG21	0.65	2.25	5	1
1:A:84:PHE:CE1	1:A:86:ARG:CZ	0.65	2.79	16	3
1:A:20:THR:O	1:A:23:ALA:N	0.65	2.28	1	4
1:A:234:GLY:CA	1:A:238:GLN:HG2	0.65	2.19	1	1
1:A:220:TYR:CB	1:A:224:GLU:HB2	0.65	2.21	11	7
1:A:74:LEU:HD23	1:A:78:LYS:HB2	0.65	1.67	1	4
1:A:190:LEU:H	1:A:190:LEU:HD23	0.65	1.51	11	6
1:A:176:ILE:HG21	1:A:203:TYR:CE2	0.65	2.26	2	1
1:A:151:PRO:CB	1:A:178:PHE:CG	0.65	2.78	5	4
1:A:158:TYR:CD2	1:A:176:ILE:HD11	0.65	2.24	5	1
1:A:84:PHE:CZ	1:A:86:ARG:NH2	0.65	2.65	5	3
1:A:42:LEU:CD2	1:A:45:SER:CB	0.65	2.73	1	1
1:A:158:TYR:CZ	1:A:238:GLN:CB	0.65	2.79	17	2
1:A:220:TYR:O	1:A:221:ASN:C	0.65	2.33	11	3
1:A:135:PHE:CE1	1:A:163:PHE:CE2	0.65	2.84	15	1
1:A:228:TYR:HA	1:A:244:ALA:HB1	0.65	1.69	15	3
1:A:171:LYS:O	1:A:188:GLU:O	0.65	2.15	1	4
1:A:38:LYS:HD3	1:A:78:LYS:CG	0.65	2.22	4	1
1:A:133:ARG:HB3	1:A:135:PHE:CE1	0.65	2.26	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:119:GLN:NE2	1:A:129:MET:SD	0.65	2.69	6	1
1:A:26:LEU:HD22	1:A:56:ALA:CB	0.65	2.22	6	2
1:A:172:LEU:HD23	1:A:172:LEU:H	0.65	1.52	14	2
1:A:142:GLY:HA2	1:A:211:HIS:CE1	0.65	2.27	9	1
1:A:174:TYR:CG	1:A:185:GLY:HA3	0.65	2.27	11	3
1:A:39:SER:CB	1:A:70:ASN:HA	0.65	2.22	4	12
1:A:90:VAL:HG12	1:A:92:GLY:H	0.65	1.52	11	1
1:A:147:PHE:CZ	1:A:205:LYS:HG2	0.65	2.27	13	1
1:A:178:PHE:C	1:A:203:TYR:CE1	0.65	2.70	5	1
1:A:199:LEU:CB	1:A:218:VAL:HG22	0.65	2.20	16	2
1:A:37:LEU:CD1	1:A:38:LYS:HG3	0.65	2.21	6	1
1:A:248:THR:HG22	1:A:249:ALA:N	0.65	2.07	6	4
1:A:74:LEU:CD2	1:A:106:LYS:CB	0.65	2.74	1	2
1:A:63:TYR:CD1	1:A:67:ASP:CG	0.65	2.70	12	1
1:A:84:PHE:CE2	1:A:102:PHE:HB2	0.65	2.27	10	15
1:A:163:PHE:CZ	1:A:254:HIS:NE2	0.65	2.65	8	2
1:A:174:TYR:OH	1:A:257:LEU:CD2	0.65	2.44	6	1
1:A:203:TYR:CE2	1:A:232:ILE:CD1	0.65	2.79	1	2
1:A:144:HIS:CD2	1:A:235:GLU:HB3	0.65	2.27	17	1
1:A:77:ASP:C	1:A:260:LYS:CD	0.65	2.65	17	1
1:A:82:PHE:O	1:A:102:PHE:N	0.65	2.27	17	3
1:A:174:TYR:OH	1:A:199:LEU:HD11	0.65	1.91	10	1
1:A:204:ILE:HD12	1:A:213:VAL:CG2	0.65	2.18	10	1
1:A:110:SER:CB	1:A:142:GLY:CA	0.65	2.75	12	4
1:A:63:TYR:CD2	1:A:67:ASP:CB	0.65	2.79	3	2
1:A:156:ALA:N	1:A:176:ILE:O	0.65	2.30	4	4
1:A:174:TYR:CE2	1:A:228:TYR:CE1	0.65	2.85	7	2
1:A:207:ASP:CG	1:A:211:HIS:NE2	0.65	2.49	7	1
1:A:57:GLN:CD	1:A:81:ARG:CZ	0.65	2.65	8	1
1:A:214:ILE:HD11	1:A:232:ILE:CD1	0.65	2.20	1	1
1:A:233:PHE:O	1:A:239:GLU:O	0.65	2.15	11	8
1:A:220:TYR:CD2	1:A:222:GLN:HB2	0.65	2.27	10	7
1:A:97:LEU:CD1	1:A:97:LEU:N	0.65	2.49	3	1
1:A:163:PHE:CE2	1:A:256:GLY:HA3	0.65	2.26	8	11
1:A:203:TYR:CZ	1:A:214:ILE:HG12	0.65	2.26	11	1
1:A:158:TYR:CE2	1:A:232:ILE:HD12	0.65	2.27	7	3
1:A:247:GLU:OE1	1:A:252:ILE:HD11	0.65	1.91	5	1
1:A:61:LYS:HD3	1:A:63:TYR:CZ	0.65	2.27	1	1
1:A:230:LEU:N	1:A:230:LEU:HD12	0.65	2.07	15	3
1:A:74:LEU:CD1	1:A:78:LYS:HB2	0.65	2.22	9	2
1:A:154:VAL:O	1:A:154:VAL:HG13	0.65	1.92	3	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:49:ASN:CA	1:A:88:ILE:HG21	0.65	2.21	2	7
1:A:209:LYS:C	1:A:210:HIS:CD2	0.65	2.71	15	1
1:A:206:PRO:O	1:A:213:VAL:HG21	0.65	1.92	13	4
1:A:147:PHE:CA	1:A:151:PRO:HG2	0.65	2.21	5	3
1:A:85:ILE:CD1	1:A:87:GLN:NE2	0.65	2.60	13	1
1:A:151:PRO:HB3	1:A:179:ALA:CB	0.65	2.22	4	1
1:A:163:PHE:CG	1:A:169:GLY:HA2	0.65	2.27	4	1
1:A:107:GLN:NE2	1:A:238:GLN:CD	0.65	2.49	9	2
1:A:121:GLN:CB	1:A:129:MET:CE	0.65	2.75	12	1
1:A:189:HIS:O	1:A:190:LEU:O	0.65	2.15	11	3
1:A:235:GLU:OE1	1:A:236:LYS:CD	0.65	2.45	7	1
1:A:116:GLN:HG3	1:A:135:PHE:CE2	0.65	2.27	7	1
1:A:197:VAL:HG11	1:A:218:VAL:HG22	0.65	1.68	1	1
1:A:76:ASN:O	1:A:107:GLN:CA	0.64	2.44	10	6
1:A:54:LEU:HB2	1:A:82:PHE:CD1	0.64	2.28	11	12
1:A:228:TYR:CD1	1:A:244:ALA:CB	0.64	2.80	9	5
1:A:190:LEU:CD2	1:A:195:LEU:HB2	0.64	2.21	5	3
1:A:147:PHE:CE1	1:A:232:ILE:HG22	0.64	2.27	15	1
1:A:211:HIS:N	1:A:211:HIS:CD2	0.64	2.65	11	1
1:A:156:ALA:HB1	1:A:235:GLU:CG	0.64	2.21	11	1
1:A:233:PHE:O	1:A:238:GLN:CG	0.64	2.45	4	2
1:A:147:PHE:CD2	1:A:203:TYR:CD1	0.64	2.85	1	1
1:A:158:TYR:CE1	1:A:238:GLN:HG2	0.64	2.26	17	1
1:A:190:LEU:HD11	1:A:195:LEU:CB	0.64	2.19	16	3
1:A:84:PHE:CD2	1:A:102:PHE:HB2	0.64	2.27	10	12
1:A:163:PHE:CZ	1:A:256:GLY:HA3	0.64	2.28	5	8
1:A:26:LEU:HD22	1:A:54:LEU:HD13	0.64	1.66	2	1
1:A:163:PHE:CD2	1:A:256:GLY:HA3	0.64	2.27	13	5
1:A:108:SER:CB	1:A:143:GLU:OE1	0.64	2.45	11	1
1:A:168:ALA:O	1:A:169:GLY:O	0.64	2.15	4	2
1:A:201:VAL:CG1	1:A:215:SER:C	0.64	2.62	9	3
1:A:144:HIS:CB	1:A:211:HIS:CE1	0.64	2.80	8	1
1:A:140:ILE:CG1	1:A:140:ILE:O	0.64	2.43	17	3
1:A:205:LYS:O	1:A:211:HIS:O	0.64	2.16	8	13
1:A:172:LEU:H	1:A:172:LEU:HD23	0.64	1.51	3	2
1:A:183:GLY:HA3	1:A:203:TYR:CD1	0.64	2.27	11	2
1:A:78:LYS:CB	1:A:106:LYS:HB2	0.64	2.22	11	2
1:A:199:LEU:HB2	1:A:228:TYR:CE2	0.64	2.27	6	1
1:A:233:PHE:CE2	1:A:239:GLU:CB	0.64	2.80	1	1
1:A:199:LEU:CD1	1:A:228:TYR:CD1	0.64	2.80	17	1
1:A:160:GLY:HA3	1:A:259:ALA:CB	0.64	2.22	9	16

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:144:HIS:CE1	1:A:235:GLU:HG3	0.64	2.27	2	1
1:A:218:VAL:CG2	1:A:228:TYR:CD1	0.64	2.80	15	3
1:A:210:HIS:CD2	1:A:211:HIS:HE2	0.64	2.10	11	3
1:A:230:LEU:HD13	1:A:257:LEU:CD1	0.64	2.23	7	2
1:A:152:LYS:O	1:A:178:PHE:CB	0.64	2.45	12	2
1:A:220:TYR:O	1:A:220:TYR:CD2	0.64	2.50	12	1
1:A:61:LYS:HD3	1:A:63:TYR:CE1	0.64	2.26	1	1
1:A:74:LEU:HD11	1:A:106:LYS:HB3	0.64	1.67	10	3
1:A:86:ARG:NH2	1:A:98:GLU:OE2	0.64	2.31	10	1
1:A:71:THR:HB	1:A:74:LEU:CD2	0.64	2.23	16	3
1:A:207:ASP:OD2	1:A:213:VAL:HG13	0.64	1.93	3	3
1:A:203:TYR:CE1	1:A:214:ILE:HG12	0.64	2.28	2	2
1:A:47:SER:N	1:A:65:ASN:HB2	0.64	2.08	15	1
1:A:85:ILE:HG12	1:A:99:SER:CB	0.64	2.22	12	6
1:A:158:TYR:CE2	1:A:176:ILE:CB	0.64	2.80	11	1
1:A:158:TYR:CE2	1:A:176:ILE:HB	0.64	2.28	6	2
1:A:147:PHE:O	1:A:151:PRO:HD2	0.64	1.92	8	5
1:A:25:ALA:HB1	1:A:71:THR:HG23	0.64	1.70	4	2
1:A:145:THR:HG21	1:A:233:PHE:HB3	0.64	1.69	4	1
1:A:227:SER:CB	1:A:245:GLU:HB2	0.64	2.23	14	3
1:A:233:PHE:CD1	1:A:239:GLU:O	0.64	2.51	8	2
1:A:207:ASP:CG	1:A:211:HIS:CD2	0.64	2.70	7	1
1:A:187:ILE:HG21	1:A:197:VAL:CG2	0.64	2.22	14	1
1:A:176:ILE:CG2	1:A:183:GLY:HA2	0.64	2.22	12	6
1:A:22:LEU:HD12	1:A:56:ALA:HB1	0.64	1.67	8	7
1:A:144:HIS:CB	1:A:233:PHE:HB3	0.64	2.23	12	3
1:A:77:ASP:HB3	1:A:260:LYS:CD	0.64	2.23	7	5
1:A:176:ILE:HG22	1:A:183:GLY:CA	0.64	2.23	3	2
1:A:197:VAL:HG12	1:A:218:VAL:CG1	0.64	2.22	15	2
1:A:147:PHE:CG	1:A:151:PRO:CG	0.64	2.80	11	2
1:A:158:TYR:CZ	1:A:235:GLU:HB2	0.64	2.26	11	1
1:A:54:LEU:HG	1:A:63:TYR:CG	0.64	2.27	7	3
1:A:120:GLU:HG2	1:A:121:GLN:N	0.64	2.07	14	1
1:A:135:PHE:CD1	1:A:254:HIS:CE1	0.64	2.86	1	1
1:A:187:ILE:CG2	1:A:197:VAL:HB	0.64	2.23	17	8
1:A:92:GLY:C	1:A:93:GLN:CG	0.64	2.65	10	15
1:A:158:TYR:CD1	1:A:238:GLN:O	0.64	2.51	10	1
1:A:110:SER:HB2	1:A:142:GLY:N	0.64	2.08	15	3
1:A:207:ASP:HA	1:A:213:VAL:HG21	0.64	1.67	3	4
1:A:137:ILE:HD12	1:A:163:PHE:CZ	0.64	2.27	3	1
1:A:89:GLU:CG	1:A:95:ILE:HG13	0.64	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:140:ILE:HD13	1:A:144:HIS:CE1	0.64	2.27	1	1
1:A:23:ALA:HB1	1:A:58:GLY:HA3	0.64	1.69	3	8
1:A:156:ALA:CB	1:A:158:TYR:OH	0.64	2.40	10	2
1:A:176:ILE:HG12	1:A:183:GLY:CA	0.64	2.23	8	5
1:A:117:THR:HG22	1:A:118:GLU:N	0.64	2.08	15	12
1:A:116:GLN:HB2	1:A:135:PHE:CE2	0.64	2.27	12	2
1:A:129:MET:SD	1:A:129:MET:O	0.64	2.56	4	2
1:A:214:ILE:HG12	1:A:232:ILE:CG2	0.64	2.21	13	1
1:A:232:ILE:CD1	1:A:240:VAL:CG2	0.64	2.69	13	1
1:A:172:LEU:N	1:A:172:LEU:CD2	0.64	2.54	16	2
1:A:155:MET:CG	1:A:177:ASP:OD1	0.64	2.45	9	1
1:A:179:ALA:O	1:A:181:LYS:N	0.64	2.30	16	11
1:A:231:GLY:O	1:A:240:VAL:CG2	0.64	2.44	2	1
1:A:149:LYS:N	1:A:149:LYS:HD3	0.64	2.06	13	3
1:A:147:PHE:CB	1:A:203:TYR:HH	0.64	2.06	14	2
1:A:78:LYS:HB2	1:A:106:LYS:CB	0.64	2.23	4	2
1:A:120:GLU:CG	1:A:132:LYS:CD	0.64	2.76	13	1
1:A:147:PHE:CD1	1:A:151:PRO:CG	0.64	2.80	9	2
1:A:63:TYR:OH	1:A:69:LEU:CD1	0.64	2.46	6	1
1:A:144:HIS:HB2	1:A:211:HIS:NE2	0.64	2.08	8	1
1:A:199:LEU:HD11	1:A:228:TYR:CD1	0.64	2.27	17	2
1:A:82:PHE:CZ	1:A:102:PHE:CB	0.64	2.81	8	5
1:A:246:VAL:O	1:A:246:VAL:HG12	0.64	1.93	17	1
1:A:164:GLY:O	1:A:167:ASP:N	0.64	2.31	14	5
1:A:145:THR:HG21	1:A:234:GLY:O	0.64	1.93	3	1
1:A:171:LYS:HG3	1:A:189:HIS:CE1	0.64	2.27	15	1
1:A:158:TYR:CE1	1:A:235:GLU:CG	0.64	2.80	11	1
1:A:105:TYR:CE1	1:A:260:LYS:HG2	0.64	2.28	8	2
1:A:38:LYS:CE	1:A:78:LYS:HD2	0.64	2.22	4	1
1:A:149:LYS:NZ	1:A:235:GLU:HG2	0.64	2.08	7	1
1:A:63:TYR:OH	1:A:69:LEU:HD23	0.64	1.91	8	1
1:A:163:PHE:HA	1:A:169:GLY:HA2	0.63	1.69	5	9
1:A:176:ILE:HG12	1:A:183:GLY:HA2	0.63	1.70	4	4
1:A:153:ASP:HA	1:A:178:PHE:CB	0.63	2.23	2	1
1:A:199:LEU:CD2	1:A:228:TYR:CE2	0.63	2.80	15	2
1:A:230:LEU:HD12	1:A:243:SER:N	0.63	2.08	7	2
1:A:151:PRO:CG	1:A:178:PHE:CD1	0.63	2.81	6	2
1:A:198:ASP:OD1	1:A:198:ASP:N	0.63	2.30	14	1
1:A:177:ASP:CB	1:A:181:LYS:HG2	0.63	2.21	6	2
1:A:149:LYS:N	1:A:149:LYS:HD2	0.63	2.07	12	3
1:A:31:ASP:OD1	1:A:33:LYS:NZ	0.63	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:26:LEU:N	1:A:26:LEU:CD2	0.63	2.56	13	1
1:A:145:THR:CG2	1:A:233:PHE:HA	0.63	2.23	4	2
1:A:158:TYR:CD1	1:A:176:ILE:HB	0.63	2.28	14	1
1:A:254:HIS:CG	1:A:254:HIS:O	0.63	2.52	1	1
1:A:144:HIS:NE2	1:A:235:GLU:HB3	0.63	2.08	17	1
1:A:260:LYS:CE	1:A:261:GLN:OXT	0.63	2.47	4	1
1:A:52:LEU:HD12	1:A:63:TYR:CZ	0.63	2.28	4	1
1:A:122:ASP:OD2	1:A:130:VAL:CG2	0.63	2.46	14	1
1:A:113:THR:CB	1:A:138:GLY:O	0.63	2.47	8	2
1:A:201:VAL:HG21	1:A:228:TYR:HD2	0.63	1.50	17	3
1:A:177:ASP:N	1:A:182:GLN:O	0.63	2.31	1	11
1:A:253:HIS:N	1:A:253:HIS:CD2	0.63	2.66	16	7
1:A:199:LEU:HD21	1:A:228:TYR:CD1	0.63	2.28	9	3
1:A:228:TYR:CE2	1:A:257:LEU:CD1	0.63	2.81	7	3
1:A:27:THR:OG1	1:A:28:ALA:N	0.63	2.28	13	1
1:A:230:LEU:CD1	1:A:242:GLY:HA3	0.63	2.23	7	2
1:A:54:LEU:CD1	1:A:63:TYR:CZ	0.63	2.81	7	1
1:A:140:ILE:CD1	1:A:141:ALA:O	0.63	2.46	1	1
1:A:158:TYR:OH	1:A:238:GLN:CB	0.63	2.46	5	2
1:A:137:ILE:HD13	1:A:163:PHE:CE2	0.63	2.29	6	4
1:A:233:PHE:CE2	1:A:239:GLU:HG2	0.63	2.28	10	4
1:A:229:SER:O	1:A:243:SER:O	0.63	2.17	15	4
1:A:86:ARG:NH1	1:A:98:GLU:OE2	0.63	2.31	15	1
1:A:158:TYR:CD2	1:A:176:ILE:CG1	0.63	2.81	11	1
1:A:227:SER:HB2	1:A:245:GLU:CB	0.63	2.23	14	2
1:A:54:LEU:HG	1:A:63:TYR:CD1	0.63	2.29	8	3
1:A:152:LYS:N	1:A:152:LYS:HD3	0.63	2.07	8	1
1:A:112:LEU:HD22	1:A:241:ALA:HB2	0.63	1.69	8	1
1:A:185:GLY:O	1:A:199:LEU:O	0.63	2.17	2	7
1:A:97:LEU:O	1:A:98:GLU:CG	0.63	2.46	11	2
1:A:76:ASN:O	1:A:106:LYS:O	0.63	2.17	9	4
1:A:177:ASP:OD2	1:A:180:ALA:HB3	0.63	1.93	12	4
1:A:203:TYR:CD1	1:A:214:ILE:HG12	0.63	2.29	11	1
1:A:214:ILE:HD11	1:A:232:ILE:CB	0.63	2.24	11	2
1:A:156:ALA:CB	1:A:235:GLU:HG3	0.63	2.23	11	1
1:A:196:ASN:O	1:A:197:VAL:HG13	0.63	1.94	5	1
1:A:187:ILE:O	1:A:196:ASN:CB	0.63	2.46	7	1
1:A:170:GLY:HA2	1:A:189:HIS:CB	0.63	2.23	7	2
1:A:174:TYR:OH	1:A:201:VAL:HG21	0.63	1.93	9	2
1:A:150:LEU:CD2	1:A:151:PRO:HD3	0.63	2.24	13	7
1:A:90:VAL:CG2	1:A:93:GLN:HG2	0.63	2.24	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:251:GLY:O	1:A:252:ILE:CD1	0.63	2.46	13	3
1:A:145:THR:HB	1:A:234:GLY:N	0.63	2.09	4	1
1:A:77:ASP:O	1:A:79:VAL:HG23	0.63	1.94	4	1
1:A:220:TYR:CE1	1:A:224:GLU:OE2	0.63	2.51	12	1
1:A:223:ASP:OD2	1:A:224:GLU:CG	0.63	2.47	8	1
1:A:165:SER:HG	1:A:254:HIS:CD2	0.63	2.12	1	1
1:A:230:LEU:CD2	1:A:242:GLY:CA	0.63	2.77	2	9
1:A:218:VAL:CG1	1:A:226:GLY:C	0.63	2.66	10	4
1:A:39:SER:CB	1:A:70:ASN:CG	0.63	2.68	9	3
1:A:199:LEU:CD2	1:A:218:VAL:CG2	0.63	2.62	11	3
1:A:176:ILE:HG13	1:A:203:TYR:CE2	0.63	2.28	11	1
1:A:163:PHE:CD1	1:A:169:GLY:HA2	0.63	2.27	4	1
1:A:113:THR:N	1:A:139:ASP:HB3	0.63	2.09	1	1
1:A:116:GLN:CG	1:A:135:PHE:CD2	0.63	2.81	17	1
1:A:120:GLU:O	1:A:130:VAL:HG23	0.63	1.93	3	3
1:A:73:LYS:O	1:A:74:LEU:O	0.63	2.17	17	9
1:A:177:ASP:HB2	1:A:181:LYS:HB3	0.63	1.71	11	5
1:A:170:GLY:HA3	1:A:189:HIS:CD2	0.63	2.28	15	1
1:A:255:ILE:H	1:A:255:ILE:HD12	0.63	1.54	12	5
1:A:79:VAL:HG13	1:A:105:TYR:CA	0.63	2.23	5	3
1:A:248:THR:HG1	1:A:253:HIS:CE1	0.63	2.11	7	3
1:A:85:ILE:CG1	1:A:99:SER:OG	0.63	2.47	12	2
1:A:116:GLN:HE22	1:A:168:ALA:HB2	0.63	1.52	12	1
1:A:110:SER:HB2	1:A:142:GLY:CA	0.62	2.24	10	3
1:A:183:GLY:O	1:A:201:VAL:HG12	0.62	1.94	10	3
1:A:187:ILE:O	1:A:196:ASN:HB3	0.62	1.93	7	3
1:A:22:LEU:HD11	1:A:57:GLN:HB2	0.62	1.70	4	2
1:A:66:GLY:O	1:A:67:ASP:O	0.62	2.17	15	12
1:A:25:ALA:CB	1:A:74:LEU:CD1	0.62	2.77	2	1
1:A:228:TYR:OH	1:A:257:LEU:CD2	0.62	2.46	15	2
1:A:140:ILE:HD13	1:A:140:ILE:C	0.62	2.13	5	3
1:A:203:TYR:CG	1:A:214:ILE:HG12	0.62	2.28	11	1
1:A:52:LEU:HD12	1:A:63:TYR:OH	0.62	1.92	4	1
1:A:63:TYR:CD1	1:A:67:ASP:OD1	0.62	2.52	12	1
1:A:48:GLN:HG3	1:A:49:ASN:ND2	0.62	2.09	1	1
1:A:71:THR:HB	1:A:74:LEU:CD1	0.62	2.24	1	4
1:A:164:GLY:O	1:A:165:SER:O	0.62	2.18	12	6
1:A:204:ILE:HB	1:A:213:VAL:CG2	0.62	2.24	3	7
1:A:197:VAL:CG2	1:A:224:GLU:OE1	0.62	2.47	2	2
1:A:129:MET:HE2	1:A:129:MET:O	0.62	1.94	4	3
1:A:176:ILE:CD1	1:A:183:GLY:HA2	0.62	2.24	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:137:ILE:O	1:A:137:ILE:CG2	0.62	2.46	6	4
1:A:54:LEU:HB3	1:A:63:TYR:CE1	0.62	2.29	4	1
1:A:176:ILE:HD13	1:A:214:ILE:CD1	0.62	2.23	17	3
1:A:76:ASN:O	1:A:107:GLN:HA	0.62	1.95	7	8
1:A:105:TYR:HB3	1:A:112:LEU:CD1	0.62	2.24	14	8
1:A:49:ASN:ND2	1:A:49:ASN:C	0.62	2.53	5	7
1:A:155:MET:CE	1:A:182:GLN:OE1	0.62	2.47	13	1
1:A:214:ILE:HG13	1:A:232:ILE:HG21	0.62	1.72	13	1
1:A:145:THR:CG2	1:A:211:HIS:CD2	0.62	2.81	4	1
1:A:172:LEU:CD1	1:A:228:TYR:OH	0.62	2.47	4	1
1:A:178:PHE:O	1:A:203:TYR:CE1	0.62	2.51	5	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:104:VAL:CG2	0.62	2.82	14	4
1:A:200:ALA:C	1:A:201:VAL:HG23	0.62	2.14	7	3
1:A:39:SER:HB3	1:A:70:ASN:CB	0.62	2.24	9	2
1:A:234:GLY:O	1:A:235:GLU:C	0.62	2.35	4	11
1:A:172:LEU:HD23	1:A:257:LEU:CD2	0.62	2.24	1	2
1:A:145:THR:HB	1:A:211:HIS:CG	0.62	2.29	2	1
1:A:223:ASP:O	1:A:224:GLU:O	0.62	2.17	2	1
1:A:188:GLU:HA	1:A:196:ASN:ND2	0.62	2.09	12	3
1:A:89:GLU:CG	1:A:95:ILE:CG1	0.62	2.78	8	5
1:A:143:GLU:O	1:A:145:THR:HG22	0.62	1.94	14	1
1:A:152:LYS:O	1:A:178:PHE:HB2	0.62	1.94	12	4
1:A:183:GLY:O	1:A:201:VAL:C	0.62	2.38	12	9
1:A:62:THR:O	1:A:62:THR:HG23	0.62	1.92	5	4
1:A:172:LEU:CA	1:A:187:ILE:HB	0.62	2.24	3	1
1:A:147:PHE:CE2	1:A:212:ALA:HB1	0.62	2.30	2	1
1:A:203:TYR:CE2	1:A:232:ILE:HG21	0.62	2.30	2	1
1:A:161:THR:C	1:A:172:LEU:HD22	0.62	2.13	15	1
1:A:158:TYR:CB	1:A:240:VAL:HG11	0.62	2.25	11	2
1:A:144:HIS:O	1:A:210:HIS:CE1	0.62	2.52	5	1
1:A:147:PHE:CB	1:A:203:TYR:CZ	0.62	2.83	5	1
1:A:153:ASP:CB	1:A:180:ALA:HB3	0.62	2.24	6	1
1:A:153:ASP:OD2	1:A:180:ALA:O	0.62	2.18	9	1
1:A:203:TYR:CE1	1:A:212:ALA:CB	0.62	2.80	1	1
1:A:214:ILE:CG1	1:A:232:ILE:HD11	0.62	2.24	1	1
1:A:229:SER:C	1:A:230:LEU:CD1	0.62	2.65	8	5
1:A:141:ALA:HB3	1:A:144:HIS:ND1	0.62	2.09	10	1
1:A:137:ILE:CG2	1:A:137:ILE:O	0.62	2.47	13	4
1:A:20:THR:HG22	1:A:57:GLN:CB	0.62	2.23	8	3
1:A:52:LEU:CD1	1:A:52:LEU:O	0.62	2.48	3	2
1:A:49:ASN:CA	1:A:88:ILE:CG2	0.62	2.78	2	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:115:LEU:HG	1:A:136:ARG:CB	0.62	2.25	4	3
1:A:230:LEU:CD2	1:A:242:GLY:N	0.62	2.57	1	3
1:A:207:ASP:CB	1:A:213:VAL:CG2	0.62	2.77	4	2
1:A:207:ASP:OD2	1:A:212:ALA:O	0.62	2.18	12	9
1:A:26:LEU:H	1:A:26:LEU:HD12	0.62	1.55	14	5
1:A:178:PHE:CE2	1:A:181:LYS:HE2	0.62	2.29	11	1
1:A:190:LEU:HD11	1:A:195:LEU:HD13	0.62	1.70	13	3
1:A:157:THR:O	1:A:261:GLN:OXT	0.62	2.18	1	4
1:A:218:VAL:HB	1:A:228:TYR:CE2	0.62	2.30	6	1
1:A:116:GLN:CD	1:A:135:PHE:CE2	0.62	2.73	12	1
1:A:135:PHE:CZ	1:A:165:SER:HB2	0.62	2.29	8	1
1:A:154:VAL:O	1:A:178:PHE:CD2	0.62	2.52	17	3
1:A:188:GLU:O	1:A:189:HIS:C	0.62	2.38	17	7
1:A:146:SER:HA	1:A:210:HIS:O	0.62	1.95	4	5
1:A:76:ASN:O	1:A:107:GLN:O	0.62	2.18	7	8
1:A:260:LYS:O	1:A:261:GLN:O	0.62	2.18	16	7
1:A:165:SER:N	1:A:254:HIS:O	0.62	2.26	14	5
1:A:164:GLY:O	1:A:167:ASP:O	0.62	2.18	9	5
1:A:232:ILE:CB	1:A:240:VAL:HG23	0.62	2.25	7	4
1:A:149:LYS:O	1:A:152:LYS:CE	0.62	2.47	5	1
1:A:77:ASP:OD2	1:A:239:GLU:OE1	0.62	2.18	14	1
1:A:187:ILE:HG22	1:A:199:LEU:HG	0.62	1.71	8	1
1:A:129:MET:CA	1:A:129:MET:HE3	0.62	2.25	8	1
1:A:208:GLU:C	1:A:209:LYS:CD	0.62	2.68	1	2
1:A:26:LEU:O	1:A:61:LYS:CE	0.62	2.47	17	2
1:A:42:LEU:O	1:A:43:GLU:O	0.62	2.18	10	12
1:A:29:PRO:O	1:A:30:LEU:O	0.62	2.18	10	9
1:A:25:ALA:O	1:A:70:ASN:O	0.62	2.18	11	5
1:A:188:GLU:O	1:A:189:HIS:O	0.62	2.18	10	1
1:A:120:GLU:CB	1:A:130:VAL:HB	0.62	2.25	2	8
1:A:196:ASN:N	1:A:220:TYR:CE1	0.62	2.68	3	1
1:A:180:ALA:O	1:A:181:LYS:C	0.62	2.39	15	7
1:A:147:PHE:CE1	1:A:150:LEU:HD11	0.62	2.28	2	1
1:A:115:LEU:CD1	1:A:115:LEU:C	0.62	2.62	4	3
1:A:230:LEU:CD2	1:A:257:LEU:CB	0.62	2.77	15	1
1:A:47:SER:N	1:A:65:ASN:CB	0.62	2.63	15	1
1:A:49:ASN:O	1:A:88:ILE:HG21	0.62	1.94	6	8
1:A:234:GLY:CA	1:A:238:GLN:HB2	0.62	2.25	4	4
1:A:93:GLN:OE1	1:A:94:LEU:CD1	0.62	2.45	11	1
1:A:179:ALA:HB1	1:A:205:LYS:HE2	0.62	1.70	4	1
1:A:52:LEU:O	1:A:63:TYR:O	0.62	2.18	8	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:142:GLY:O	1:A:235:GLU:OE1	0.62	2.18	5	1
1:A:214:ILE:HG22	1:A:230:LEU:HD21	0.62	1.71	6	1
1:A:34:ASP:CB	1:A:37:LEU:HB3	0.62	2.24	6	1
1:A:220:TYR:O	1:A:220:TYR:CG	0.62	2.52	12	1
1:A:147:PHE:CE2	1:A:203:TYR:HB3	0.62	2.30	9	1
1:A:42:LEU:HD23	1:A:45:SER:CB	0.62	2.25	1	1
1:A:249:ALA:O	1:A:250:ASN:ND2	0.62	2.32	1	2
1:A:172:LEU:CB	1:A:187:ILE:HB	0.62	2.25	3	1
1:A:246:VAL:HG12	1:A:253:HIS:HD2	0.62	1.54	14	2
1:A:145:THR:OG1	1:A:235:GLU:OE1	0.62	2.18	15	1
1:A:188:GLU:HB3	1:A:196:ASN:CB	0.62	2.24	15	5
1:A:223:ASP:O	1:A:223:ASP:OD1	0.62	2.18	5	1
1:A:181:LYS:CA	1:A:203:TYR:O	0.62	2.48	7	4
1:A:171:LYS:CB	1:A:188:GLU:OE1	0.62	2.47	6	1
1:A:179:ALA:CB	1:A:205:LYS:NZ	0.62	2.63	9	1
1:A:154:VAL:O	1:A:178:PHE:CE2	0.62	2.52	17	1
1:A:77:ASP:CA	1:A:260:LYS:HD3	0.62	2.25	6	4
1:A:23:ALA:CB	1:A:58:GLY:HA3	0.62	2.25	2	15
1:A:175:THR:C	1:A:176:ILE:HD13	0.62	2.16	11	1
1:A:143:GLU:CB	1:A:233:PHE:HB3	0.62	2.25	5	3
1:A:174:TYR:CB	1:A:185:GLY:HA3	0.62	2.25	14	3
1:A:176:ILE:CD1	1:A:183:GLY:HA3	0.62	2.25	14	1
1:A:145:THR:OG1	1:A:235:GLU:OE2	0.62	2.18	12	1
1:A:177:ASP:HB3	1:A:182:GLN:HB2	0.61	1.71	4	6
1:A:232:ILE:CB	1:A:240:VAL:HB	0.61	2.25	5	6
1:A:49:ASN:C	1:A:49:ASN:ND2	0.61	2.52	9	6
1:A:246:VAL:CG2	1:A:255:ILE:HG12	0.61	2.24	15	2
1:A:92:GLY:O	1:A:93:GLN:OE1	0.61	2.18	15	1
1:A:158:TYR:CE2	1:A:261:GLN:HA	0.61	2.30	7	1
1:A:27:THR:OG1	1:A:60:GLU:O	0.61	2.18	7	1
1:A:176:ILE:HG13	1:A:183:GLY:CA	0.61	2.24	6	1
1:A:84:PHE:CD1	1:A:102:PHE:HB2	0.61	2.29	1	1
1:A:22:LEU:H	1:A:22:LEU:HD22	0.61	1.54	1	1
1:A:183:GLY:O	1:A:201:VAL:HB	0.61	1.95	4	8
1:A:146:SER:O	1:A:147:PHE:C	0.61	2.39	9	9
1:A:207:ASP:OD2	1:A:231:GLY:CA	0.61	2.48	1	4
1:A:44:ASP:O	1:A:46:ILE:N	0.61	2.33	14	4
1:A:239:GLU:OE2	1:A:259:ALA:O	0.61	2.18	5	2
1:A:74:LEU:CD1	1:A:106:LYS:CB	0.61	2.78	6	2
1:A:147:PHE:HB3	1:A:203:TYR:OH	0.61	1.95	5	2
1:A:163:PHE:CD1	1:A:163:PHE:N	0.61	2.66	7	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:147:PHE:HB2	1:A:212:ALA:CB	0.61	2.25	16	2
1:A:250:ASN:CG	1:A:250:ASN:O	0.61	2.39	6	1
1:A:158:TYR:CE2	1:A:235:GLU:HG3	0.61	2.30	9	1
1:A:218:VAL:HG22	1:A:228:TYR:CD1	0.61	2.31	9	1
1:A:156:ALA:HB3	1:A:203:TYR:CD2	0.61	2.30	1	1
1:A:260:LYS:O	1:A:261:GLN:C	0.61	2.39	14	16
1:A:63:TYR:OH	1:A:68:SER:O	0.61	2.19	7	6
1:A:41:THR:OG1	1:A:68:SER:OG	0.61	2.18	10	3
1:A:113:THR:HG22	1:A:114:ALA:N	0.61	2.10	1	4
1:A:37:LEU:O	1:A:72:GLY:O	0.61	2.18	15	1
1:A:147:PHE:CA	1:A:151:PRO:CG	0.61	2.78	11	1
1:A:75:LYS:O	1:A:76:ASN:O	0.61	2.18	11	1
1:A:187:ILE:HG23	1:A:197:VAL:H	0.61	1.55	6	2
1:A:111:ALA:O	1:A:140:ILE:O	0.61	2.17	13	2
1:A:56:ALA:N	1:A:59:ALA:O	0.61	2.30	16	4
1:A:209:LYS:CB	1:A:210:HIS:CE1	0.61	2.83	7	1
1:A:30:LEU:H	1:A:30:LEU:HD23	0.61	1.55	1	2
1:A:139:ASP:OD1	1:A:139:ASP:N	0.61	2.27	6	1
1:A:145:THR:HG23	1:A:211:HIS:CA	0.61	2.24	14	1
1:A:113:THR:O	1:A:138:GLY:O	0.61	2.17	16	2
1:A:158:TYR:CD1	1:A:240:VAL:HG12	0.61	2.31	9	2
1:A:172:LEU:HD22	1:A:174:TYR:OH	0.61	1.95	1	1
1:A:237:ALA:O	1:A:261:GLN:OE1	0.61	2.18	1	1
1:A:187:ILE:O	1:A:196:ASN:HA	0.61	1.95	12	5
1:A:51:THR:OG1	1:A:87:GLN:O	0.61	2.18	12	10
1:A:110:SER:HG	1:A:140:ILE:HD13	0.61	1.54	10	1
1:A:117:THR:CG2	1:A:118:GLU:N	0.61	2.62	10	10
1:A:54:LEU:CB	1:A:84:PHE:HB3	0.61	2.25	1	2
1:A:76:ASN:O	1:A:77:ASP:OD1	0.61	2.18	13	5
1:A:197:VAL:CG1	1:A:198:ASP:N	0.61	2.63	1	4
1:A:107:GLN:OE1	1:A:239:GLU:OE2	0.61	2.18	4	2
1:A:20:THR:HG23	1:A:57:GLN:OE1	0.61	1.95	14	1
1:A:153:ASP:CG	1:A:180:ALA:HB2	0.61	2.15	12	1
1:A:150:LEU:N	1:A:151:PRO:HD3	0.61	2.11	14	10
1:A:105:TYR:OH	1:A:161:THR:CB	0.61	2.49	10	1
1:A:153:ASP:O	1:A:153:ASP:OD1	0.61	2.18	9	2
1:A:115:LEU:HB2	1:A:136:ARG:CB	0.61	2.26	8	6
1:A:28:ALA:HB3	1:A:70:ASN:HB2	0.61	1.70	2	1
1:A:42:LEU:O	1:A:43:GLU:C	0.61	2.39	4	8
1:A:46:ILE:CD1	1:A:64:GLY:C	0.61	2.63	1	1
1:A:145:THR:CG2	1:A:211:HIS:HB3	0.61	2.25	14	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:66:GLY:O	1:A:67:ASP:C	0.61	2.39	2	14
1:A:182:GLN:HG3	1:A:184:HIS:CE1	0.61	2.29	10	1
1:A:212:ALA:CB	1:A:232:ILE:CG2	0.61	2.75	9	4
1:A:20:THR:HG22	1:A:23:ALA:HB3	0.61	1.71	7	2
1:A:260:LYS:O	1:A:261:GLN:OXT	0.61	2.18	12	6
1:A:79:VAL:HG13	1:A:105:TYR:CD1	0.61	2.30	15	1
1:A:110:SER:HB3	1:A:142:GLY:CA	0.61	2.24	12	2
1:A:184:HIS:CE1	1:A:199:LEU:O	0.61	2.54	16	5
1:A:49:ASN:HA	1:A:88:ILE:HG21	0.61	1.73	9	3
1:A:171:LYS:N	1:A:189:HIS:HB2	0.61	2.10	7	2
1:A:148:ASP:CG	1:A:205:LYS:CG	0.61	2.69	6	1
1:A:168:ALA:HA	1:A:190:LEU:HD23	0.61	1.72	6	1
1:A:34:ASP:HB3	1:A:37:LEU:CB	0.61	2.26	6	1
1:A:149:LYS:CD	1:A:149:LYS:C	0.61	2.68	16	2
1:A:69:LEU:HD23	1:A:71:THR:HG23	0.61	1.70	14	1
1:A:198:ASP:OD2	1:A:219:LEU:O	0.61	2.18	9	1
1:A:151:PRO:HB2	1:A:178:PHE:CB	0.61	2.25	16	2
1:A:137:ILE:CD1	1:A:137:ILE:C	0.61	2.62	1	2
1:A:46:ILE:HG22	1:A:47:SER:H	0.61	1.54	5	12
1:A:23:ALA:HB1	1:A:59:ALA:H	0.61	1.55	2	2
1:A:157:THR:O	1:A:261:GLN:O	0.61	2.18	15	2
1:A:38:LYS:CA	1:A:72:GLY:HA2	0.61	2.26	15	1
1:A:147:PHE:CB	1:A:203:TYR:CE2	0.61	2.83	5	1
1:A:153:ASP:O	1:A:153:ASP:OD2	0.61	2.18	6	1
1:A:116:GLN:NE2	1:A:168:ALA:CB	0.61	2.62	14	1
1:A:163:PHE:HA	1:A:169:GLY:CA	0.61	2.25	8	9
1:A:103:GLN:OE1	1:A:103:GLN:O	0.61	2.19	17	1
1:A:145:THR:HG23	1:A:145:THR:O	0.61	1.95	6	3
1:A:96:THR:CG2	1:A:97:LEU:N	0.61	2.62	1	7
1:A:154:VAL:O	1:A:177:ASP:OD1	0.61	2.18	15	2
1:A:187:ILE:HD12	1:A:188:GLU:H	0.61	1.52	15	2
1:A:214:ILE:HG13	1:A:232:ILE:CD1	0.61	2.25	15	1
1:A:36:GLY:C	1:A:37:LEU:HD22	0.61	2.16	12	2
1:A:176:ILE:HD11	1:A:232:ILE:CD1	0.61	2.26	13	1
1:A:39:SER:HB3	1:A:70:ASN:CA	0.61	2.26	4	1
1:A:147:PHE:CG	1:A:203:TYR:CE2	0.61	2.89	5	1
1:A:174:TYR:CE1	1:A:199:LEU:CD1	0.61	2.81	2	3
1:A:147:PHE:CZ	1:A:203:TYR:OH	0.61	2.53	12	3
1:A:23:ALA:CB	1:A:58:GLY:CA	0.61	2.79	2	7
1:A:178:PHE:HB3	1:A:181:LYS:CD	0.61	2.26	2	1
1:A:158:TYR:CB	1:A:174:TYR:HB3	0.61	2.25	15	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:174:TYR:OH	1:A:199:LEU:HD21	0.61	1.94	4	4
1:A:147:PHE:HA	1:A:235:GLU:N	0.61	2.10	13	1
1:A:145:THR:CB	1:A:235:GLU:HG2	0.61	2.25	13	1
1:A:208:GLU:O	1:A:209:LYS:CD	0.61	2.49	17	5
1:A:145:THR:CG2	1:A:211:HIS:CB	0.61	2.78	14	2
1:A:177:ASP:HB3	1:A:181:LYS:HB3	0.61	1.73	8	4
1:A:54:LEU:CD2	1:A:63:TYR:CZ	0.61	2.84	2	3
1:A:164:GLY:O	1:A:165:SER:C	0.61	2.39	14	6
1:A:250:ASN:O	1:A:250:ASN:OD1	0.61	2.18	3	2
1:A:85:ILE:CG2	1:A:87:GLN:CG	0.61	2.78	15	1
1:A:147:PHE:CE1	1:A:235:GLU:HB3	0.61	2.30	11	1
1:A:107:GLN:HB2	1:A:238:GLN:NE2	0.61	2.11	4	1
1:A:145:THR:OG1	1:A:233:PHE:HA	0.61	1.96	14	2
1:A:24:ASP:O	1:A:28:ALA:O	0.61	2.17	7	2
1:A:153:ASP:HB2	1:A:180:ALA:CB	0.61	2.26	6	1
1:A:212:ALA:CB	1:A:232:ILE:HG13	0.61	2.26	14	1
1:A:55:SER:O	1:A:83:ASP:N	0.61	2.33	8	1
1:A:113:THR:HG23	1:A:138:GLY:O	0.60	1.95	15	4
1:A:88:ILE:O	1:A:95:ILE:HA	0.60	1.96	10	10
1:A:153:ASP:HA	1:A:178:PHE:CE2	0.60	2.30	10	1
1:A:207:ASP:HA	1:A:213:VAL:HG13	0.60	1.73	7	5
1:A:118:GLU:O	1:A:119:GLN:CG	0.60	2.48	15	1
1:A:42:LEU:N	1:A:42:LEU:CD2	0.60	2.54	15	1
1:A:54:LEU:HD23	1:A:63:TYR:CE1	0.60	2.30	13	1
1:A:187:ILE:CG2	1:A:199:LEU:HG	0.60	2.26	8	2
1:A:54:LEU:HD13	1:A:82:PHE:CE1	0.60	2.31	7	1
1:A:153:ASP:OD1	1:A:181:LYS:CD	0.60	2.48	9	1
1:A:103:GLN:OE1	1:A:163:PHE:CD1	0.60	2.53	16	1
1:A:172:LEU:HB3	1:A:174:TYR:OH	0.60	1.95	16	1
1:A:147:PHE:O	1:A:148:ASP:C	0.60	2.38	8	4
1:A:121:GLN:HA	1:A:129:MET:CA	0.60	2.26	5	5
1:A:113:THR:N	1:A:139:ASP:OD2	0.60	2.34	10	1
1:A:90:VAL:HB	1:A:93:GLN:CB	0.60	2.26	11	4
1:A:25:ALA:HB1	1:A:74:LEU:CD1	0.60	2.26	2	1
1:A:118:GLU:O	1:A:132:LYS:O	0.60	2.18	15	1
1:A:235:GLU:CD	1:A:236:LYS:N	0.60	2.55	11	1
1:A:182:GLN:O	1:A:203:TYR:HB2	0.60	1.95	13	2
1:A:195:LEU:O	1:A:223:ASP:OD1	0.60	2.18	4	1
1:A:42:LEU:O	1:A:44:ASP:N	0.60	2.35	4	1
1:A:63:TYR:OH	1:A:84:PHE:CG	0.60	2.54	4	1
1:A:42:LEU:HB3	1:A:45:SER:CB	0.60	2.25	5	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:187:ILE:HG22	1:A:199:LEU:CD1	0.60	2.26	7	1
1:A:151:PRO:CG	1:A:178:PHE:CE1	0.60	2.84	6	1
1:A:26:LEU:HD21	1:A:54:LEU:HD11	0.60	1.73	12	1
1:A:129:MET:HA	1:A:129:MET:CE	0.60	2.26	8	2
1:A:77:ASP:HA	1:A:260:LYS:CD	0.60	2.26	8	1
1:A:232:ILE:HB	1:A:240:VAL:CG2	0.60	2.26	7	8
1:A:41:THR:OG1	1:A:68:SER:HB2	0.60	1.97	5	5
1:A:187:ILE:HD13	1:A:228:TYR:HH	0.60	1.55	10	1
1:A:88:ILE:HG23	1:A:88:ILE:O	0.60	1.96	10	3
1:A:27:THR:O	1:A:28:ALA:C	0.60	2.38	6	4
1:A:199:LEU:N	1:A:218:VAL:HG23	0.60	2.10	3	1
1:A:103:GLN:NE2	1:A:161:THR:HG21	0.60	2.09	15	2
1:A:171:LYS:CB	1:A:188:GLU:CB	0.60	2.79	2	3
1:A:147:PHE:CD2	1:A:203:TYR:CZ	0.60	2.88	14	3
1:A:92:GLY:O	1:A:93:GLN:CD	0.60	2.40	5	2
1:A:110:SER:CB	1:A:141:ALA:HA	0.60	2.26	5	3
1:A:28:ALA:O	1:A:70:ASN:OD1	0.60	2.18	6	1
1:A:116:GLN:CG	1:A:135:PHE:CE2	0.60	2.85	17	2
1:A:187:ILE:CG1	1:A:228:TYR:OH	0.60	2.50	10	1
1:A:74:LEU:CD1	1:A:106:LYS:HB3	0.60	2.27	15	3
1:A:138:GLY:O	1:A:139:ASP:C	0.60	2.39	1	2
1:A:143:GLU:HA	1:A:233:PHE:CB	0.60	2.26	5	4
1:A:190:LEU:CD1	1:A:195:LEU:HB2	0.60	2.27	15	6
1:A:141:ALA:CB	1:A:144:HIS:HB3	0.60	2.26	15	2
1:A:214:ILE:HG12	1:A:232:ILE:HD12	0.60	1.73	15	1
1:A:189:HIS:O	1:A:195:LEU:HA	0.60	1.97	11	1
1:A:197:VAL:CG1	1:A:220:TYR:HB2	0.60	2.27	5	3
1:A:201:VAL:HB	1:A:214:ILE:HG23	0.60	1.72	6	1
1:A:143:GLU:O	1:A:211:HIS:NE2	0.60	2.34	9	2
1:A:150:LEU:CD1	1:A:236:LYS:HG2	0.60	2.27	1	1
1:A:109:HIS:HB2	1:A:144:HIS:NE2	0.60	2.11	17	1
1:A:230:LEU:CG	1:A:242:GLY:HA3	0.60	2.26	8	10
1:A:178:PHE:O	1:A:181:LYS:N	0.60	2.30	10	1
1:A:116:GLN:HB2	1:A:135:PHE:CD2	0.60	2.30	10	2
1:A:67:ASP:OD1	1:A:67:ASP:N	0.60	2.35	5	6
1:A:183:GLY:C	1:A:201:VAL:O	0.60	2.40	15	5
1:A:240:VAL:O	1:A:240:VAL:HG13	0.60	1.95	7	4
1:A:87:GLN:OE1	1:A:97:LEU:C	0.60	2.40	5	2
1:A:111:ALA:O	1:A:140:ILE:HG12	0.60	1.96	11	1
1:A:158:TYR:CD1	1:A:158:TYR:N	0.60	2.69	8	3
1:A:181:LYS:HD2	1:A:202:ALA:CB	0.60	2.24	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:201:VAL:CG1	1:A:214:ILE:CD1	0.60	2.79	7	1
1:A:158:TYR:CZ	1:A:232:ILE:HD12	0.60	2.31	7	1
1:A:84:PHE:CE1	1:A:102:PHE:CB	0.60	2.84	1	1
1:A:171:LYS:O	1:A:188:GLU:CB	0.60	2.50	17	2
1:A:199:LEU:HG	1:A:218:VAL:CG1	0.60	2.25	17	1
1:A:76:ASN:O	1:A:107:GLN:C	0.60	2.40	14	9
1:A:163:PHE:HA	1:A:169:GLY:C	0.60	2.16	6	6
1:A:81:ARG:N	1:A:81:ARG:CD	0.60	2.65	17	1
1:A:144:HIS:HA	1:A:233:PHE:CB	0.60	2.26	12	3
1:A:105:TYR:HB3	1:A:112:LEU:CG	0.60	2.26	12	7
1:A:162:ALA:HB2	1:A:172:LEU:CD1	0.60	2.26	15	1
1:A:190:LEU:HD11	1:A:196:ASN:ND2	0.60	2.12	15	2
1:A:229:SER:O	1:A:230:LEU:HD12	0.60	1.95	15	3
1:A:136:ARG:HD2	1:A:137:ILE:N	0.60	2.12	4	1
1:A:197:VAL:HA	1:A:220:TYR:CG	0.60	2.32	8	1
1:A:29:PRO:HA	1:A:70:ASN:CB	0.60	2.26	1	1
1:A:187:ILE:CG2	1:A:197:VAL:CB	0.60	2.80	14	3
1:A:218:VAL:C	1:A:219:LEU:CD1	0.60	2.68	3	3
1:A:197:VAL:CG2	1:A:220:TYR:HB2	0.60	2.25	7	5
1:A:254:HIS:CD2	1:A:254:HIS:C	0.60	2.75	2	3
1:A:120:GLU:O	1:A:130:VAL:CG2	0.60	2.50	3	1
1:A:201:VAL:HG23	1:A:215:SER:C	0.60	2.17	3	1
1:A:207:ASP:HB2	1:A:213:VAL:CG2	0.60	2.27	4	2
1:A:237:ALA:O	1:A:261:GLN:CD	0.60	2.40	4	2
1:A:177:ASP:CB	1:A:182:GLN:O	0.60	2.49	16	3
1:A:185:GLY:O	1:A:199:LEU:CG	0.60	2.50	6	1
1:A:116:GLN:HE22	1:A:168:ALA:HB1	0.60	1.56	14	1
1:A:137:ILE:O	1:A:137:ILE:HD12	0.60	1.97	12	2
1:A:77:ASP:OD2	1:A:238:GLN:O	0.60	2.18	9	1
1:A:107:GLN:NE2	1:A:259:ALA:O	0.60	2.32	8	1
1:A:105:TYR:OH	1:A:260:LYS:HE3	0.60	1.96	17	3
1:A:145:THR:O	1:A:211:HIS:HA	0.60	1.97	2	8
1:A:187:ILE:HG23	1:A:197:VAL:CB	0.60	2.25	4	2
1:A:120:GLU:C	1:A:130:VAL:HG23	0.60	2.16	17	3
1:A:44:ASP:O	1:A:45:SER:C	0.60	2.39	4	7
1:A:42:LEU:HD11	1:A:69:LEU:HG	0.60	1.74	3	1
1:A:86:ARG:C	1:A:87:GLN:CG	0.60	2.70	11	5
1:A:76:ASN:O	1:A:77:ASP:CG	0.60	2.40	13	3
1:A:144:HIS:ND1	1:A:235:GLU:HG3	0.60	2.10	2	1
1:A:42:LEU:HB2	1:A:67:ASP:CB	0.60	2.26	7	2
1:A:63:TYR:CE2	1:A:67:ASP:HB3	0.60	2.32	15	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:177:ASP:N	1:A:182:GLN:HB3	0.60	2.11	13	2
1:A:26:LEU:HB3	1:A:61:LYS:CB	0.60	2.27	7	1
1:A:107:GLN:NE2	1:A:110:SER:HB2	0.60	2.12	9	1
1:A:153:ASP:O	1:A:181:LYS:CE	0.60	2.50	8	1
1:A:137:ILE:HD12	1:A:138:GLY:N	0.60	2.11	1	1
1:A:145:THR:CG2	1:A:211:HIS:CG	0.60	2.81	17	2
1:A:86:ARG:CZ	1:A:98:GLU:HB2	0.60	2.27	10	1
1:A:238:GLN:O	1:A:261:GLN:CA	0.60	2.50	14	6
1:A:198:ASP:CB	1:A:219:LEU:O	0.60	2.50	9	5
1:A:168:ALA:CB	1:A:190:LEU:HB3	0.60	2.27	15	1
1:A:246:VAL:HG23	1:A:255:ILE:CG1	0.60	2.26	15	2
1:A:176:ILE:HD12	1:A:183:GLY:C	0.60	2.16	11	1
1:A:97:LEU:HB2	1:A:121:GLN:NE2	0.60	2.11	11	4
1:A:232:ILE:CB	1:A:240:VAL:HG22	0.60	2.18	13	1
1:A:25:ALA:CB	1:A:71:THR:CG2	0.60	2.80	4	1
1:A:135:PHE:CE2	1:A:254:HIS:CE1	0.60	2.90	4	1
1:A:145:THR:CG2	1:A:234:GLY:N	0.60	2.64	7	1
1:A:155:MET:O	1:A:155:MET:HG3	0.60	1.96	6	1
1:A:171:LYS:CB	1:A:188:GLU:HB3	0.60	2.26	6	2
1:A:176:ILE:CB	1:A:183:GLY:HA2	0.60	2.26	9	6
1:A:187:ILE:HG22	1:A:197:VAL:O	0.60	1.97	10	2
1:A:49:ASN:O	1:A:88:ILE:HG12	0.60	1.96	10	9
1:A:176:ILE:HD12	1:A:214:ILE:HD11	0.60	1.74	3	4
1:A:46:ILE:HD12	1:A:64:GLY:O	0.60	1.97	3	1
1:A:210:HIS:C	1:A:211:HIS:CD2	0.60	2.75	6	9
1:A:190:LEU:CD2	1:A:195:LEU:CB	0.60	2.74	4	3
1:A:120:GLU:OE2	1:A:132:LYS:CG	0.60	2.50	2	1
1:A:25:ALA:HB1	1:A:71:THR:CG2	0.60	2.26	11	1
1:A:171:LYS:HB2	1:A:188:GLU:O	0.60	1.97	7	6
1:A:203:TYR:HE2	1:A:212:ALA:HB1	0.60	1.54	13	1
1:A:149:LYS:O	1:A:152:LYS:HE2	0.60	1.97	5	1
1:A:131:ALA:O	1:A:132:LYS:HG3	0.60	1.97	5	3
1:A:20:THR:CG2	1:A:58:GLY:HA3	0.60	2.27	7	1
1:A:105:TYR:CB	1:A:112:LEU:HG	0.60	2.26	6	2
1:A:190:LEU:HD12	1:A:190:LEU:C	0.60	2.17	6	1
1:A:145:THR:HB	1:A:235:GLU:CB	0.60	2.26	6	2
1:A:234:GLY:N	1:A:238:GLN:HB3	0.60	2.12	9	1
1:A:177:ASP:HB2	1:A:182:GLN:HB3	0.59	1.72	4	5
1:A:60:GLU:N	1:A:60:GLU:CD	0.59	2.53	17	1
1:A:87:GLN:OE1	1:A:97:LEU:CD2	0.59	2.42	10	2
1:A:81:ARG:HA	1:A:102:PHE:O	0.59	1.97	7	14

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:176:ILE:CB	1:A:183:GLY:HA3	0.59	2.26	3	1
1:A:147:PHE:HZ	1:A:232:ILE:HD11	0.59	1.55	5	3
1:A:161:THR:CG2	1:A:170:GLY:O	0.59	2.49	15	2
1:A:61:LYS:CE	1:A:68:SER:O	0.59	2.50	11	1
1:A:107:GLN:NE2	1:A:260:LYS:HB3	0.59	2.12	13	2
1:A:107:GLN:OE1	1:A:239:GLU:CD	0.59	2.40	13	2
1:A:226:GLY:HA3	1:A:246:VAL:CB	0.59	2.26	13	1
1:A:54:LEU:O	1:A:54:LEU:CD1	0.59	2.49	4	3
1:A:179:ALA:CB	1:A:205:LYS:HZ2	0.59	2.10	9	1
1:A:212:ALA:HB3	1:A:232:ILE:HB	0.59	1.73	1	1
1:A:147:PHE:HA	1:A:150:LEU:CD2	0.59	2.28	17	2
1:A:185:GLY:O	1:A:199:LEU:HB2	0.59	1.95	17	7
1:A:160:GLY:HA3	1:A:259:ALA:CA	0.59	2.27	12	15
1:A:97:LEU:CB	1:A:121:GLN:HG3	0.59	2.27	9	3
1:A:112:LEU:CB	1:A:139:ASP:HB3	0.59	2.27	15	2
1:A:148:ASP:CB	1:A:205:LYS:HG2	0.59	2.26	6	4
1:A:239:GLU:CG	1:A:240:VAL:N	0.59	2.65	14	2
1:A:176:ILE:CG2	1:A:183:GLY:HA3	0.59	2.26	3	1
1:A:232:ILE:HD12	1:A:240:VAL:CB	0.59	2.26	3	2
1:A:90:VAL:O	1:A:93:GLN:N	0.59	2.32	3	1
1:A:156:ALA:O	1:A:158:TYR:CD1	0.59	2.55	13	3
1:A:251:GLY:C	1:A:252:ILE:CD1	0.59	2.65	8	2
1:A:107:GLN:CD	1:A:239:GLU:OE2	0.59	2.40	4	1
1:A:199:LEU:CA	1:A:218:VAL:HG23	0.59	2.27	3	3
1:A:39:SER:OG	1:A:70:ASN:CG	0.59	2.40	10	1
1:A:246:VAL:CG1	1:A:253:HIS:NE2	0.59	2.63	3	2
1:A:239:GLU:HG3	1:A:240:VAL:N	0.59	2.12	2	3
1:A:176:ILE:CG2	1:A:203:TYR:HB2	0.59	2.27	15	1
1:A:158:TYR:HB3	1:A:240:VAL:CG1	0.59	2.26	1	3
1:A:246:VAL:CG1	1:A:253:HIS:HB2	0.59	2.27	6	2
1:A:172:LEU:HB2	1:A:174:TYR:CZ	0.59	2.32	1	2
1:A:174:TYR:CD2	1:A:176:ILE:HD11	0.59	2.32	14	1
1:A:252:ILE:N	1:A:252:ILE:HD12	0.59	2.10	14	1
1:A:140:ILE:HD13	1:A:233:PHE:CE1	0.59	2.33	8	1
1:A:237:ALA:C	1:A:238:GLN:OE1	0.59	2.40	8	1
1:A:172:LEU:HB2	1:A:186:LYS:O	0.59	1.97	7	6
1:A:112:LEU:C	1:A:139:ASP:OD2	0.59	2.40	10	1
1:A:112:LEU:N	1:A:112:LEU:CD2	0.59	2.58	3	2
1:A:92:GLY:O	1:A:93:GLN:HG3	0.59	1.97	3	1
1:A:239:GLU:OE2	1:A:259:ALA:C	0.59	2.40	5	2
1:A:31:ASP:OD1	1:A:33:LYS:CE	0.59	2.50	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:210:HIS:CD2	1:A:211:HIS:ND1	0.59	2.70	13	1
1:A:224:GLU:HG2	1:A:246:VAL:CG2	0.59	2.27	13	1
1:A:170:GLY:CA	1:A:189:HIS:CB	0.59	2.80	7	1
1:A:20:THR:O	1:A:22:LEU:N	0.59	2.35	7	3
1:A:167:ASP:OD2	1:A:224:GLU:OE2	0.59	2.20	6	1
1:A:188:GLU:CA	1:A:196:ASN:ND2	0.59	2.65	12	2
1:A:158:TYR:HB3	1:A:174:TYR:CB	0.59	2.27	9	1
1:A:223:ASP:OD2	1:A:224:GLU:HG3	0.59	1.97	8	1
1:A:149:LYS:HD3	1:A:149:LYS:N	0.59	2.13	17	2
1:A:154:VAL:O	1:A:155:MET:C	0.59	2.41	3	3
1:A:218:VAL:HG22	1:A:228:TYR:HB2	0.59	1.74	7	2
1:A:162:ALA:CB	1:A:257:LEU:HA	0.59	2.27	5	4
1:A:49:ASN:C	1:A:88:ILE:CG1	0.59	2.71	17	2
1:A:239:GLU:CB	1:A:260:LYS:HA	0.59	2.28	2	6
1:A:96:THR:OG1	1:A:122:ASP:OD1	0.59	2.21	15	1
1:A:147:PHE:HA	1:A:151:PRO:HG2	0.59	1.73	9	2
1:A:20:THR:O	1:A:21:GLY:C	0.59	2.40	7	4
1:A:140:ILE:CD1	1:A:140:ILE:C	0.59	2.70	6	1
1:A:141:ALA:O	1:A:143:GLU:CD	0.59	2.40	6	1
1:A:76:ASN:C	1:A:77:ASP:OD1	0.59	2.40	6	1
1:A:142:GLY:C	1:A:211:HIS:NE2	0.59	2.56	9	1
1:A:204:ILE:CD1	1:A:213:VAL:HB	0.59	2.27	8	1
1:A:77:ASP:O	1:A:77:ASP:CG	0.59	2.40	17	1
1:A:26:LEU:HD12	1:A:26:LEU:H	0.59	1.56	3	5
1:A:105:TYR:OH	1:A:161:THR:OG1	0.59	2.18	10	1
1:A:155:MET:HA	1:A:176:ILE:O	0.59	1.98	16	3
1:A:28:ALA:CB	1:A:70:ASN:O	0.59	2.51	2	1
1:A:107:GLN:CD	1:A:110:SER:OG	0.59	2.40	15	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:237:ALA:CB	0.59	2.49	15	1
1:A:188:GLU:CD	1:A:196:ASN:OD1	0.59	2.40	11	1
1:A:42:LEU:CG	1:A:67:ASP:HB2	0.59	2.28	14	2
1:A:141:ALA:O	1:A:142:GLY:C	0.59	2.40	13	1
1:A:171:LYS:O	1:A:188:GLU:HG2	0.59	1.96	8	2
1:A:107:GLN:NE2	1:A:239:GLU:HB3	0.59	2.13	4	1
1:A:41:THR:CB	1:A:68:SER:HB3	0.59	2.27	5	2
1:A:105:TYR:OH	1:A:260:LYS:NZ	0.59	2.35	7	1
1:A:176:ILE:HG12	1:A:201:VAL:CG1	0.59	2.27	1	2
1:A:173:THR:C	1:A:174:TYR:CD1	0.59	2.76	6	2
1:A:77:ASP:CA	1:A:260:LYS:HE2	0.59	2.27	8	1
1:A:249:ALA:O	1:A:250:ASN:OD1	0.59	2.20	16	2
1:A:213:VAL:O	1:A:214:ILE:HD13	0.59	1.97	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:174:TYR:CZ	1:A:228:TYR:CE2	0.59	2.90	17	2
1:A:145:THR:HG23	1:A:211:HIS:HB3	0.59	1.73	14	3
1:A:248:THR:HG23	1:A:249:ALA:N	0.59	2.13	17	2
1:A:81:ARG:N	1:A:81:ARG:HD3	0.59	2.13	17	1
1:A:148:ASP:HB2	1:A:205:LYS:CG	0.59	2.27	10	2
1:A:207:ASP:HA	1:A:213:VAL:CG1	0.59	2.28	15	7
1:A:88:ILE:HB	1:A:95:ILE:CB	0.59	2.28	3	1
1:A:74:LEU:HD22	1:A:106:LYS:CD	0.59	2.26	5	2
1:A:121:GLN:O	1:A:130:VAL:HG21	0.59	1.98	2	2
1:A:89:GLU:HG2	1:A:95:ILE:CD1	0.59	2.28	2	2
1:A:28:ALA:O	1:A:70:ASN:CG	0.59	2.40	15	2
1:A:147:PHE:CD2	1:A:203:TYR:CD2	0.59	2.90	5	1
1:A:63:TYR:OH	1:A:69:LEU:CA	0.59	2.51	14	1
1:A:143:GLU:HG3	1:A:143:GLU:O	0.59	1.96	16	1
1:A:208:GLU:O	1:A:209:LYS:CG	0.59	2.51	17	8
1:A:171:LYS:O	1:A:188:GLU:HG3	0.59	1.96	13	3
1:A:98:GLU:CG	1:A:120:GLU:HA	0.59	2.28	17	1
1:A:32:HIS:O	1:A:33:LYS:HG3	0.59	1.98	4	6
1:A:110:SER:CB	1:A:142:GLY:HA2	0.59	2.27	1	3
1:A:146:SER:OG	1:A:210:HIS:O	0.59	2.17	9	5
1:A:251:GLY:O	1:A:252:ILE:CG1	0.59	2.50	13	5
1:A:199:LEU:CD2	1:A:218:VAL:CG1	0.59	2.78	2	1
1:A:150:LEU:HD21	1:A:178:PHE:CD1	0.59	2.32	15	2
1:A:197:VAL:HG11	1:A:218:VAL:CG1	0.59	2.23	9	2
1:A:162:ALA:C	1:A:163:PHE:CD1	0.59	2.76	7	1
1:A:144:HIS:HB2	1:A:210:HIS:CE1	0.59	2.32	7	1
1:A:77:ASP:OD1	1:A:261:GLN:CD	0.59	2.40	6	1
1:A:30:LEU:CD1	1:A:31:ASP:N	0.59	2.60	6	1
1:A:37:LEU:O	1:A:72:GLY:HA3	0.59	1.97	14	1
1:A:105:TYR:OH	1:A:260:LYS:HE2	0.59	1.96	12	1
1:A:118:GLU:OE1	1:A:118:GLU:C	0.59	2.41	17	1
1:A:88:ILE:O	1:A:88:ILE:HG23	0.59	1.97	17	1
1:A:205:LYS:HB2	1:A:206:PRO:HD3	0.59	1.75	5	14
1:A:201:VAL:HG23	1:A:215:SER:N	0.59	2.13	3	1
1:A:25:ALA:CB	1:A:71:THR:HG22	0.59	2.26	3	1
1:A:172:LEU:O	1:A:172:LEU:HG	0.59	1.97	2	7
1:A:172:LEU:HD11	1:A:259:ALA:HB3	0.59	1.73	2	1
1:A:176:ILE:CG2	1:A:203:TYR:CD2	0.59	2.83	11	2
1:A:77:ASP:CB	1:A:260:LYS:HG2	0.59	2.27	11	1
1:A:147:PHE:O	1:A:151:PRO:CG	0.59	2.50	6	4
1:A:110:SER:N	1:A:142:GLY:HA2	0.59	2.13	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:220:TYR:CD2	1:A:222:GLN:CB	0.59	2.86	13	1
1:A:234:GLY:HA2	1:A:238:GLN:HB2	0.59	1.73	4	2
1:A:145:THR:HG21	1:A:235:GLU:HA	0.59	1.70	5	1
1:A:201:VAL:HG11	1:A:214:ILE:HD12	0.59	1.73	7	1
1:A:177:ASP:O	1:A:203:TYR:HB2	0.59	1.98	1	2
1:A:171:LYS:O	1:A:187:ILE:HA	0.59	1.97	12	1
1:A:112:LEU:CA	1:A:139:ASP:HB3	0.59	2.28	1	1
1:A:172:LEU:CD1	1:A:174:TYR:CZ	0.59	2.78	1	1
1:A:178:PHE:CD2	1:A:179:ALA:N	0.59	2.71	1	1
1:A:167:ASP:OD2	1:A:189:HIS:CG	0.59	2.55	17	1
1:A:172:LEU:CD2	1:A:257:LEU:CD2	0.59	2.79	10	4
1:A:120:GLU:OE1	1:A:132:LYS:CG	0.59	2.51	10	1
1:A:44:ASP:N	1:A:44:ASP:OD1	0.59	2.35	10	2
1:A:232:ILE:HD12	1:A:240:VAL:CG1	0.59	2.28	3	2
1:A:34:ASP:OD2	1:A:36:GLY:O	0.59	2.21	2	1
1:A:174:TYR:CD1	1:A:176:ILE:HD11	0.59	2.33	15	1
1:A:241:ALA:CB	1:A:258:ALA:HA	0.59	2.28	9	2
1:A:151:PRO:HB2	1:A:178:PHE:CD1	0.59	2.32	5	2
1:A:238:GLN:CB	1:A:261:GLN:HB3	0.59	2.28	5	3
1:A:176:ILE:CD1	1:A:203:TYR:CZ	0.59	2.85	9	1
1:A:220:TYR:CB	1:A:223:ASP:HB3	0.59	2.28	8	1
1:A:203:TYR:OH	1:A:205:LYS:CG	0.58	2.51	17	1
1:A:29:PRO:O	1:A:30:LEU:C	0.58	2.40	2	13
1:A:118:GLU:O	1:A:118:GLU:OE2	0.58	2.21	10	1
1:A:46:ILE:HD13	1:A:63:TYR:O	0.58	1.97	3	1
1:A:78:LYS:HE3	1:A:106:LYS:CD	0.58	2.28	11	1
1:A:129:MET:CE	1:A:129:MET:HA	0.58	2.26	11	1
1:A:102:PHE:CE2	1:A:115:LEU:HD23	0.58	2.32	7	1
1:A:176:ILE:HD11	1:A:201:VAL:HG11	0.58	1.73	7	1
1:A:177:ASP:HB3	1:A:182:GLN:CG	0.58	2.27	12	1
1:A:30:LEU:N	1:A:70:ASN:OD1	0.58	2.35	8	1
1:A:152:LYS:O	1:A:178:PHE:CD2	0.58	2.56	17	2
1:A:88:ILE:HB	1:A:95:ILE:CG2	0.58	2.28	3	1
1:A:181:LYS:HB3	1:A:203:TYR:O	0.58	1.98	1	7
1:A:150:LEU:HD13	1:A:238:GLN:OE1	0.58	1.97	2	1
1:A:232:ILE:CA	1:A:240:VAL:HG23	0.58	2.28	7	5
1:A:230:LEU:CD1	1:A:257:LEU:HD13	0.58	2.27	1	2
1:A:199:LEU:CD1	1:A:201:VAL:HG23	0.58	2.28	4	1
1:A:247:GLU:OE1	1:A:252:ILE:CD1	0.58	2.52	5	1
1:A:107:GLN:CD	1:A:238:GLN:OE1	0.58	2.40	7	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:108:SER:OG	0.58	2.18	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:120:GLU:HG2	1:A:130:VAL:CG2	0.58	2.29	14	1
1:A:197:VAL:HG22	1:A:223:ASP:OD2	0.58	1.98	8	1
1:A:172:LEU:HB2	1:A:174:TYR:CE2	0.58	2.32	16	1
1:A:101:GLU:CB	1:A:116:GLN:HB3	0.58	2.28	17	1
1:A:82:PHE:CZ	1:A:102:PHE:HB3	0.58	2.33	8	3
1:A:97:LEU:O	1:A:98:GLU:HG3	0.58	1.98	11	6
1:A:145:THR:OG1	1:A:235:GLU:CB	0.58	2.51	10	2
1:A:144:HIS:HA	1:A:211:HIS:NE2	0.58	2.13	3	1
1:A:151:PRO:O	1:A:152:LYS:HD3	0.58	1.98	12	2
1:A:171:LYS:HB2	1:A:188:GLU:CB	0.58	2.27	2	3
1:A:107:GLN:CG	1:A:112:LEU:CD2	0.58	2.82	13	1
1:A:218:VAL:CG2	1:A:228:TYR:HB2	0.58	2.29	4	2
1:A:38:LYS:CD	1:A:78:LYS:HG3	0.58	2.27	4	1
1:A:121:GLN:CA	1:A:130:VAL:HG23	0.58	2.28	5	3
1:A:149:LYS:HE3	1:A:150:LEU:CD2	0.58	2.28	7	1
1:A:181:LYS:CD	1:A:181:LYS:O	0.58	2.50	7	1
1:A:200:ALA:C	1:A:201:VAL:CG2	0.58	2.71	1	3
1:A:82:PHE:CE2	1:A:102:PHE:HB3	0.58	2.33	17	2
1:A:26:LEU:HD22	1:A:54:LEU:HB3	0.58	1.74	17	1
1:A:36:GLY:O	1:A:37:LEU:C	0.58	2.40	1	2
1:A:147:PHE:HB2	1:A:203:TYR:OH	0.58	1.99	14	4
1:A:156:ALA:HB1	1:A:158:TYR:HE1	0.58	1.58	7	4
1:A:120:GLU:HB3	1:A:130:VAL:CG2	0.58	2.28	2	1
1:A:149:LYS:CG	1:A:235:GLU:HG2	0.58	2.28	2	1
1:A:115:LEU:CD2	1:A:136:ARG:CB	0.58	2.81	4	3
1:A:162:ALA:HB3	1:A:170:GLY:C	0.58	2.17	11	3
1:A:163:PHE:HA	1:A:169:GLY:O	0.58	1.98	15	2
1:A:25:ALA:O	1:A:70:ASN:HB2	0.58	1.97	11	5
1:A:164:GLY:CA	1:A:189:HIS:NE2	0.58	2.66	11	1
1:A:230:LEU:CB	1:A:242:GLY:HA3	0.58	2.29	13	2
1:A:260:LYS:HE2	1:A:261:GLN:OXT	0.58	1.99	4	1
1:A:113:THR:OG1	1:A:138:GLY:O	0.58	2.17	5	3
1:A:199:LEU:HB3	1:A:218:VAL:CG2	0.58	2.27	7	1
1:A:186:LYS:CB	1:A:198:ASP:HA	0.58	2.28	6	1
1:A:154:VAL:CB	1:A:178:PHE:CD2	0.58	2.87	8	3
1:A:100:GLY:CA	1:A:117:THR:HA	0.58	2.28	8	2
1:A:74:LEU:HD22	1:A:106:LYS:CB	0.58	2.28	1	1
1:A:207:ASP:HA	1:A:213:VAL:CG2	0.58	2.29	3	12
1:A:107:GLN:HB3	1:A:239:GLU:OE1	0.58	1.99	2	6
1:A:203:TYR:CZ	1:A:204:ILE:O	0.58	2.56	14	2
1:A:52:LEU:HD11	1:A:63:TYR:CZ	0.58	2.33	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:197:VAL:HG12	1:A:220:TYR:HA	0.58	1.76	16	2
1:A:174:TYR:CD2	1:A:201:VAL:HG21	0.58	2.33	7	1
1:A:113:THR:HB	1:A:138:GLY:O	0.58	1.99	8	2
1:A:158:TYR:CD2	1:A:240:VAL:HB	0.58	2.33	1	1
1:A:228:TYR:HA	1:A:244:ALA:CB	0.58	2.29	14	6
1:A:111:ALA:C	1:A:112:LEU:CD2	0.58	2.67	4	2
1:A:220:TYR:CE2	1:A:222:GLN:CB	0.58	2.87	13	2
1:A:116:GLN:HG2	1:A:135:PHE:CE2	0.58	2.34	17	1
1:A:148:ASP:CG	1:A:205:LYS:HD3	0.58	2.19	10	1
1:A:187:ILE:HB	1:A:228:TYR:OH	0.58	1.99	10	1
1:A:235:GLU:O	1:A:235:GLU:OE1	0.58	2.20	10	1
1:A:87:GLN:HG2	1:A:97:LEU:CG	0.58	2.28	10	2
1:A:82:PHE:CE1	1:A:102:PHE:CG	0.58	2.92	2	4
1:A:108:SER:HB2	1:A:143:GLU:OE1	0.58	1.97	11	1
1:A:147:PHE:HE2	1:A:179:ALA:HB2	0.58	1.57	13	1
1:A:154:VAL:CG1	1:A:155:MET:N	0.58	2.67	6	2
1:A:143:GLU:O	1:A:233:PHE:HB2	0.58	1.98	1	1
1:A:179:ALA:HA	1:A:203:TYR:CE1	0.58	2.33	17	1
1:A:223:ASP:OD1	1:A:223:ASP:O	0.58	2.22	10	1
1:A:71:THR:HG21	1:A:106:LYS:HE2	0.58	1.74	10	1
1:A:39:SER:CA	1:A:70:ASN:HA	0.58	2.28	4	5
1:A:120:GLU:O	1:A:130:VAL:HB	0.58	1.98	3	1
1:A:197:VAL:HA	1:A:220:TYR:HB2	0.58	1.75	3	4
1:A:87:GLN:NE2	1:A:97:LEU:HB3	0.58	2.13	3	1
1:A:85:ILE:HA	1:A:98:GLU:O	0.58	1.98	3	1
1:A:25:ALA:HB1	1:A:71:THR:HG22	0.58	1.75	14	2
1:A:100:GLY:CA	1:A:116:GLN:O	0.58	2.51	9	3
1:A:232:ILE:HD12	1:A:233:PHE:N	0.58	2.13	14	4
1:A:248:THR:HG22	1:A:249:ALA:H	0.58	1.59	9	11
1:A:107:GLN:CG	1:A:110:SER:O	0.58	2.51	9	3
1:A:46:ILE:O	1:A:47:SER:OG	0.58	2.21	13	2
1:A:54:LEU:CD1	1:A:82:PHE:CG	0.58	2.86	15	1
1:A:77:ASP:OD1	1:A:260:LYS:HD3	0.58	1.97	13	1
1:A:37:LEU:CD1	1:A:38:LYS:HG2	0.58	2.29	4	1
1:A:233:PHE:O	1:A:238:GLN:HG2	0.58	1.99	7	2
1:A:47:SER:HB3	1:A:49:ASN:ND2	0.58	2.14	4	2
1:A:120:GLU:CG	1:A:130:VAL:HB	0.58	2.28	14	2
1:A:214:ILE:CD1	1:A:240:VAL:CG2	0.58	2.81	9	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:260:LYS:HB2	0.58	1.98	8	1
1:A:79:VAL:CG2	1:A:105:TYR:CD2	0.58	2.87	17	4
1:A:97:LEU:HB2	1:A:121:GLN:CG	0.58	2.29	9	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:187:ILE:O	1:A:197:VAL:HG23	0.58	1.99	3	1
1:A:196:ASN:O	1:A:220:TYR:HB3	0.58	1.99	3	1
1:A:111:ALA:O	1:A:140:ILE:HG13	0.58	1.99	6	3
1:A:144:HIS:ND1	1:A:235:GLU:CG	0.58	2.66	2	1
1:A:239:GLU:OE1	1:A:260:LYS:HB3	0.58	1.99	2	4
1:A:121:GLN:HG2	1:A:121:GLN:O	0.58	1.98	15	1
1:A:52:LEU:HD13	1:A:84:PHE:CD1	0.58	2.34	6	2
1:A:141:ALA:HB3	1:A:233:PHE:CD2	0.58	2.33	13	1
1:A:107:GLN:HG3	1:A:239:GLU:OE2	0.58	1.98	4	1
1:A:174:TYR:CB	1:A:176:ILE:HD11	0.58	2.28	6	1
1:A:63:TYR:OH	1:A:69:LEU:CG	0.58	2.52	8	3
1:A:152:LYS:C	1:A:178:PHE:CB	0.58	2.72	9	1
1:A:180:ALA:O	1:A:181:LYS:HD3	0.58	1.99	9	1
1:A:150:LEU:HD11	1:A:236:LYS:HG2	0.58	1.76	1	1
1:A:207:ASP:OD2	1:A:231:GLY:HA3	0.58	1.98	1	1
1:A:49:ASN:O	1:A:88:ILE:HG13	0.58	1.99	14	4
1:A:110:SER:HG	1:A:140:ILE:CD1	0.58	2.11	10	1
1:A:145:THR:OG1	1:A:235:GLU:HG2	0.58	1.98	10	2
1:A:172:LEU:HB3	1:A:187:ILE:HD12	0.58	1.74	10	1
1:A:41:THR:HA	1:A:68:SER:CB	0.58	2.28	4	9
1:A:107:GLN:HG2	1:A:140:ILE:CD1	0.58	2.28	3	1
1:A:204:ILE:HB	1:A:213:VAL:HG23	0.58	1.76	3	2
1:A:107:GLN:OE1	1:A:143:GLU:OE1	0.58	2.22	14	2
1:A:80:SER:CB	1:A:104:VAL:HB	0.58	2.28	15	3
1:A:40:LEU:N	1:A:69:LEU:O	0.58	2.32	15	2
1:A:176:ILE:HG22	1:A:183:GLY:HA2	0.58	1.74	13	3
1:A:172:LEU:HD21	1:A:257:LEU:HD23	0.58	1.75	4	1
1:A:198:ASP:C	1:A:199:LEU:HD13	0.58	2.19	7	1
1:A:119:GLN:HG3	1:A:130:VAL:O	0.58	1.97	17	1
1:A:219:LEU:CD2	1:A:225:LYS:HA	0.58	2.29	2	2
1:A:107:GLN:NE2	1:A:110:SER:HB3	0.58	2.13	15	1
1:A:47:SER:O	1:A:49:ASN:N	0.58	2.37	12	5
1:A:150:LEU:HB3	1:A:151:PRO:HD3	0.58	1.76	11	7
1:A:156:ALA:O	1:A:158:TYR:CZ	0.58	2.57	11	2
1:A:232:ILE:HD13	1:A:240:VAL:HB	0.58	1.76	11	1
1:A:47:SER:CA	1:A:65:ASN:HB2	0.58	2.29	13	8
1:A:171:LYS:HB3	1:A:188:GLU:O	0.58	1.98	12	1
1:A:57:GLN:NE2	1:A:81:ARG:NE	0.58	2.51	8	1
1:A:159:ARG:CB	1:A:173:THR:HG23	0.58	2.28	1	1
1:A:167:ASP:CG	1:A:190:LEU:HD11	0.58	2.19	1	1
1:A:71:THR:CB	1:A:74:LEU:CD1	0.58	2.82	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:207:ASP:HB2	1:A:211:HIS:O	0.57	1.98	14	15
1:A:81:ARG:CB	1:A:103:GLN:NE2	0.57	2.66	10	1
1:A:77:ASP:HB3	1:A:260:LYS:CE	0.57	2.28	13	4
1:A:87:GLN:NE2	1:A:98:GLU:N	0.57	2.51	2	1
1:A:42:LEU:CD1	1:A:67:ASP:HB2	0.57	2.29	11	2
1:A:52:LEU:HB2	1:A:85:ILE:O	0.57	1.99	11	10
1:A:54:LEU:CD1	1:A:63:TYR:CE2	0.57	2.87	7	1
1:A:148:ASP:HB2	1:A:205:LYS:CB	0.57	2.29	6	1
1:A:171:LYS:CG	1:A:188:GLU:OE1	0.57	2.52	6	1
1:A:31:ASP:O	1:A:32:HIS:CG	0.57	2.56	6	1
1:A:77:ASP:CG	1:A:260:LYS:HB3	0.57	2.19	14	1
1:A:152:LYS:O	1:A:178:PHE:HB3	0.57	1.98	9	1
1:A:209:LYS:HB3	1:A:210:HIS:ND1	0.57	2.14	9	2
1:A:158:TYR:CD2	1:A:238:GLN:HB3	0.57	2.34	8	1
1:A:41:THR:CG2	1:A:43:GLU:HG3	0.57	2.29	1	1
1:A:207:ASP:O	1:A:209:LYS:N	0.57	2.36	17	3
1:A:158:TYR:OH	1:A:238:GLN:CA	0.57	2.52	5	2
1:A:153:ASP:HA	1:A:178:PHE:CZ	0.57	2.34	10	3
1:A:232:ILE:CD1	1:A:240:VAL:HB	0.57	2.29	11	3
1:A:117:THR:OG1	1:A:134:ARG:O	0.57	2.18	3	2
1:A:150:LEU:CB	1:A:151:PRO:CD	0.57	2.82	5	4
1:A:149:LYS:HB2	1:A:235:GLU:O	0.57	1.99	13	1
1:A:147:PHE:CD1	1:A:178:PHE:CE1	0.57	2.92	7	1
1:A:158:TYR:CE1	1:A:176:ILE:HB	0.57	2.33	14	1
1:A:176:ILE:HG21	1:A:214:ILE:CD1	0.57	2.29	1	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:239:GLU:HB2	0.57	1.99	16	1
1:A:54:LEU:O	1:A:60:GLU:HB2	0.57	1.98	17	5
1:A:94:LEU:O	1:A:95:ILE:HG13	0.57	1.99	3	15
1:A:70:ASN:N	1:A:70:ASN:OD1	0.57	2.37	10	1
1:A:189:HIS:CE1	1:A:255:ILE:HG23	0.57	2.34	3	1
1:A:46:ILE:CD1	1:A:63:TYR:C	0.57	2.73	3	1
1:A:186:LYS:CG	1:A:186:LYS:O	0.57	2.51	3	1
1:A:107:GLN:HG3	1:A:110:SER:O	0.57	1.99	7	2
1:A:188:GLU:HB2	1:A:196:ASN:CG	0.57	2.20	15	2
1:A:106:LYS:HE2	1:A:111:ALA:CB	0.57	2.29	15	1
1:A:149:LYS:HB2	1:A:235:GLU:CA	0.57	2.28	13	1
1:A:230:LEU:CD1	1:A:242:GLY:C	0.57	2.72	4	2
1:A:105:TYR:OH	1:A:260:LYS:CG	0.57	2.52	9	1
1:A:98:GLU:HG3	1:A:119:GLN:O	0.57	1.97	16	2
1:A:234:GLY:HA2	1:A:239:GLU:CG	0.57	2.28	8	1
1:A:143:GLU:O	1:A:233:PHE:CA	0.57	2.52	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:156:ALA:O	1:A:158:TYR:CD2	0.57	2.58	16	1
1:A:235:GLU:HG3	1:A:236:LYS:N	0.57	2.13	13	2
1:A:27:THR:O	1:A:29:PRO:CD	0.57	2.52	10	4
1:A:149:LYS:HE3	1:A:234:GLY:O	0.57	1.99	3	1
1:A:234:GLY:HA3	1:A:237:ALA:O	0.57	1.99	2	1
1:A:147:PHE:CZ	1:A:235:GLU:CB	0.57	2.88	11	1
1:A:26:LEU:CD1	1:A:54:LEU:CD1	0.57	2.68	13	1
1:A:41:THR:HG1	1:A:68:SER:CB	0.57	2.13	4	1
1:A:171:LYS:HB3	1:A:188:GLU:OE1	0.57	1.99	6	1
1:A:239:GLU:CG	1:A:260:LYS:HA	0.57	2.28	6	1
1:A:69:LEU:HD23	1:A:71:THR:CG2	0.57	2.29	14	1
1:A:107:GLN:HG2	1:A:110:SER:O	0.57	1.98	9	1
1:A:149:LYS:CE	1:A:150:LEU:HB3	0.57	2.30	9	1
1:A:172:LEU:CD2	1:A:257:LEU:HB3	0.57	2.30	9	1
1:A:39:SER:HB2	1:A:70:ASN:CG	0.57	2.20	9	1
1:A:163:PHE:CE1	1:A:254:HIS:NE2	0.57	2.72	8	1
1:A:214:ILE:CD1	1:A:232:ILE:HD11	0.57	2.30	1	1
1:A:77:ASP:C	1:A:260:LYS:HD2	0.57	2.19	17	1
1:A:172:LEU:HD21	1:A:257:LEU:HB3	0.57	1.74	10	1
1:A:148:ASP:OD1	1:A:205:LYS:HD3	0.57	2.00	6	2
1:A:25:ALA:HA	1:A:70:ASN:O	0.57	1.99	4	4
1:A:137:ILE:CG2	1:A:139:ASP:OD1	0.57	2.52	2	1
1:A:190:LEU:N	1:A:190:LEU:HD23	0.57	2.13	9	4
1:A:103:GLN:N	1:A:114:ALA:O	0.57	2.27	4	1
1:A:135:PHE:CG	1:A:163:PHE:CE1	0.57	2.92	5	1
1:A:141:ALA:HB1	1:A:233:PHE:CD1	0.57	2.33	5	1
1:A:203:TYR:HE1	1:A:214:ILE:HD11	0.57	1.58	6	2
1:A:112:LEU:HB3	1:A:140:ILE:O	0.57	1.99	1	2
1:A:103:GLN:CD	1:A:163:PHE:CE1	0.57	2.77	16	1
1:A:96:THR:O	1:A:97:LEU:HG	0.57	2.00	17	10
1:A:248:THR:HG23	1:A:250:ASN:H	0.57	1.58	4	3
1:A:207:ASP:OD2	1:A:231:GLY:HA2	0.57	1.99	7	3
1:A:53:THR:O	1:A:84:PHE:HB2	0.57	1.99	5	12
1:A:224:GLU:O	1:A:225:LYS:HD2	0.57	1.99	15	2
1:A:232:ILE:CG1	1:A:240:VAL:HB	0.57	2.29	8	2
1:A:159:ARG:O	1:A:159:ARG:HG3	0.57	2.00	15	4
1:A:143:GLU:HB2	1:A:235:GLU:OE1	0.57	1.99	12	3
1:A:121:GLN:CG	1:A:121:GLN:O	0.57	2.52	15	1
1:A:230:LEU:HD12	1:A:242:GLY:CA	0.57	2.29	13	3
1:A:44:ASP:OD1	1:A:44:ASP:O	0.57	2.22	13	1
1:A:204:ILE:CG1	1:A:213:VAL:HB	0.57	2.29	4	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:34:ASP:HB3	1:A:37:LEU:HB3	0.57	1.76	6	1
1:A:158:TYR:CD1	1:A:176:ILE:HG13	0.57	2.35	14	1
1:A:197:VAL:CG1	1:A:220:TYR:HB3	0.57	2.26	12	1
1:A:85:ILE:CG1	1:A:99:SER:HA	0.57	2.30	12	1
1:A:120:GLU:OE2	1:A:132:LYS:NZ	0.57	2.28	9	1
1:A:147:PHE:CE1	1:A:203:TYR:CZ	0.57	2.91	1	1
1:A:220:TYR:CB	1:A:224:GLU:CB	0.57	2.83	17	4
1:A:41:THR:CG2	1:A:68:SER:HB2	0.57	2.30	4	4
1:A:159:ARG:O	1:A:159:ARG:HD2	0.57	2.00	1	3
1:A:110:SER:CB	1:A:141:ALA:C	0.57	2.73	13	2
1:A:224:GLU:O	1:A:225:LYS:CG	0.57	2.52	15	3
1:A:145:THR:HA	1:A:233:PHE:CB	0.57	2.29	2	1
1:A:149:LYS:CB	1:A:235:GLU:HG2	0.57	2.29	2	1
1:A:64:GLY:O	1:A:67:ASP:OD1	0.57	2.22	4	3
1:A:164:GLY:CA	1:A:255:ILE:HG23	0.57	2.29	6	4
1:A:47:SER:CB	1:A:49:ASN:ND2	0.57	2.68	4	2
1:A:177:ASP:HB2	1:A:182:GLN:O	0.57	1.98	5	2
1:A:196:ASN:O	1:A:197:VAL:CG1	0.57	2.53	5	1
1:A:135:PHE:CE2	1:A:165:SER:HB2	0.57	2.34	8	2
1:A:26:LEU:HD21	1:A:56:ALA:HB2	0.57	1.77	6	2
1:A:77:ASP:CB	1:A:260:LYS:CB	0.57	2.82	14	1
1:A:85:ILE:HG13	1:A:99:SER:OG	0.57	1.99	16	2
1:A:156:ALA:O	1:A:176:ILE:CB	0.57	2.53	1	1
1:A:203:TYR:CZ	1:A:232:ILE:HG12	0.57	2.35	16	1
1:A:92:GLY:O	1:A:93:GLN:HG2	0.57	1.99	10	14
1:A:37:LEU:O	1:A:72:GLY:HA2	0.57	1.99	11	10
1:A:115:LEU:CD1	1:A:136:ARG:HD3	0.57	2.29	10	2
1:A:77:ASP:HA	1:A:106:LYS:O	0.57	2.00	9	4
1:A:218:VAL:O	1:A:226:GLY:O	0.57	2.23	16	4
1:A:204:ILE:CG2	1:A:213:VAL:HG21	0.57	2.29	15	2
1:A:52:LEU:HG	1:A:52:LEU:O	0.57	1.99	15	4
1:A:44:ASP:CB	1:A:65:ASN:ND2	0.57	2.67	15	1
1:A:143:GLU:OE1	1:A:238:GLN:HG2	0.57	2.00	11	1
1:A:203:TYR:CE2	1:A:214:ILE:CD1	0.57	2.88	11	1
1:A:163:PHE:HZ	1:A:254:HIS:HE2	0.57	1.39	11	1
1:A:147:PHE:O	1:A:151:PRO:HG2	0.57	1.99	16	6
1:A:207:ASP:HB2	1:A:213:VAL:HG22	0.57	1.77	4	4
1:A:205:LYS:O	1:A:210:HIS:HA	0.57	2.00	4	1
1:A:25:ALA:O	1:A:70:ASN:HB3	0.57	1.99	7	2
1:A:77:ASP:HB3	1:A:260:LYS:HD2	0.57	1.77	7	2
1:A:77:ASP:CB	1:A:260:LYS:HB3	0.57	2.29	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:GLN:CD	1:A:81:ARG:NH1	0.57	2.58	8	1
1:A:113:THR:OG1	1:A:139:ASP:HB2	0.57	1.99	1	1
1:A:212:ALA:CB	1:A:232:ILE:HB	0.57	2.30	1	1
1:A:212:ALA:CB	1:A:232:ILE:HG12	0.57	2.29	17	1
1:A:176:ILE:HG22	1:A:183:GLY:C	0.57	2.20	3	1
1:A:187:ILE:CG1	1:A:197:VAL:CG2	0.57	2.82	3	1
1:A:75:LYS:CE	1:A:78:LYS:HD2	0.57	2.30	13	1
1:A:79:VAL:CG1	1:A:103:GLN:OE1	0.57	2.52	13	1
1:A:38:LYS:O	1:A:71:THR:OG1	0.57	2.18	4	1
1:A:48:GLN:HA	1:A:65:ASN:CB	0.57	2.29	4	2
1:A:41:THR:CG2	1:A:68:SER:HB3	0.57	2.29	5	2
1:A:165:SER:OG	1:A:254:HIS:NE2	0.57	2.37	1	2
1:A:151:PRO:CA	1:A:178:PHE:CG	0.57	2.88	9	1
1:A:195:LEU:C	1:A:196:ASN:ND2	0.57	2.58	1	2
1:A:234:GLY:HA3	1:A:238:GLN:HG2	0.57	1.76	1	1
1:A:82:PHE:CE2	1:A:102:PHE:CB	0.57	2.88	17	4
1:A:88:ILE:HG22	1:A:96:THR:HB	0.57	1.77	16	2
1:A:120:GLU:O	1:A:129:MET:HA	0.57	2.00	9	5
1:A:87:GLN:HG2	1:A:97:LEU:CB	0.57	2.30	12	2
1:A:85:ILE:HG23	1:A:99:SER:CB	0.57	2.29	3	1
1:A:106:LYS:HG2	1:A:111:ALA:HB2	0.57	1.77	11	2
1:A:22:LEU:HB3	1:A:56:ALA:HB1	0.57	1.76	13	1
1:A:149:LYS:HG2	1:A:149:LYS:O	0.57	2.00	4	2
1:A:197:VAL:CG2	1:A:223:ASP:HB3	0.57	2.29	4	1
1:A:147:PHE:HB2	1:A:203:TYR:CE2	0.57	2.35	5	1
1:A:158:TYR:CD1	1:A:176:ILE:CG1	0.57	2.87	14	2
1:A:25:ALA:CA	1:A:70:ASN:O	0.57	2.53	5	1
1:A:100:GLY:HA2	1:A:118:GLU:CG	0.57	2.30	14	2
1:A:77:ASP:CG	1:A:260:LYS:HB2	0.57	2.19	14	1
1:A:103:GLN:HB2	1:A:114:ALA:CB	0.57	2.29	16	2
1:A:143:GLU:CB	1:A:235:GLU:HG3	0.57	2.30	8	1
1:A:39:SER:HB2	1:A:70:ASN:OD1	0.57	2.00	8	1
1:A:49:ASN:O	1:A:50:GLY:C	0.57	2.40	1	1
1:A:94:LEU:O	1:A:95:ILE:CG1	0.56	2.53	11	16
1:A:55:SER:HA	1:A:60:GLU:CB	0.56	2.30	2	13
1:A:49:ASN:C	1:A:88:ILE:HG23	0.56	2.20	12	11
1:A:74:LEU:HD13	1:A:106:LYS:CB	0.56	2.29	6	2
1:A:158:TYR:CE1	1:A:235:GLU:HB2	0.56	2.34	11	1
1:A:149:LYS:CB	1:A:235:GLU:O	0.56	2.53	13	1
1:A:260:LYS:HE3	1:A:261:GLN:CG	0.56	2.29	4	1
1:A:156:ALA:O	1:A:176:ILE:HB	0.56	2.00	1	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:234:GLY:HA2	1:A:237:ALA:O	0.56	2.00	16	3
1:A:147:PHE:CD2	1:A:178:PHE:CD1	0.56	2.92	7	1
1:A:35:LYS:O	1:A:40:LEU:CD1	0.56	2.46	6	1
1:A:46:ILE:CD1	1:A:67:ASP:CG	0.56	2.73	14	1
1:A:204:ILE:HD12	1:A:213:VAL:HB	0.56	1.76	8	1
1:A:144:HIS:CD2	1:A:235:GLU:CB	0.56	2.88	17	1
1:A:147:PHE:HA	1:A:150:LEU:HD21	0.56	1.75	2	2
1:A:129:MET:C	1:A:130:VAL:CG2	0.56	2.74	17	11
1:A:92:GLY:C	1:A:93:GLN:HG3	0.56	2.20	10	9
1:A:55:SER:O	1:A:82:PHE:HB2	0.56	2.00	6	6
1:A:23:ALA:HA	1:A:56:ALA:CB	0.56	2.31	16	9
1:A:86:ARG:HG2	1:A:86:ARG:O	0.56	2.00	4	2
1:A:129:MET:CE	1:A:129:MET:O	0.56	2.52	13	2
1:A:31:ASP:O	1:A:34:ASP:OD1	0.56	2.23	11	2
1:A:77:ASP:O	1:A:79:VAL:CG2	0.56	2.54	4	1
1:A:151:PRO:HB2	1:A:179:ALA:CB	0.56	2.31	14	2
1:A:137:ILE:HD13	1:A:163:PHE:HE2	0.56	1.59	6	2
1:A:154:VAL:HG11	1:A:236:LYS:HD2	0.56	1.75	1	1
1:A:158:TYR:HD1	1:A:176:ILE:HD12	0.56	1.60	1	1
1:A:158:TYR:OH	1:A:238:GLN:HA	0.56	2.00	17	1
1:A:182:GLN:O	1:A:203:TYR:HB3	0.56	2.01	17	2
1:A:218:VAL:CG2	1:A:227:SER:C	0.56	2.73	17	1
1:A:147:PHE:CZ	1:A:212:ALA:CB	0.56	2.87	7	2
1:A:232:ILE:C	1:A:233:PHE:CD1	0.56	2.79	15	5
1:A:171:LYS:O	1:A:187:ILE:HB	0.56	2.00	3	1
1:A:187:ILE:HG12	1:A:197:VAL:CG2	0.56	2.30	3	1
1:A:50:GLY:HA3	1:A:88:ILE:HG23	0.56	1.78	3	2
1:A:155:MET:N	1:A:177:ASP:OD1	0.56	2.38	3	1
1:A:151:PRO:C	1:A:152:LYS:HD3	0.56	2.21	12	2
1:A:254:HIS:C	1:A:254:HIS:CD2	0.56	2.76	16	4
1:A:28:ALA:CB	1:A:70:ASN:HB3	0.56	2.29	2	1
1:A:146:SER:OG	1:A:148:ASP:HB2	0.56	2.00	15	1
1:A:230:LEU:HD21	1:A:257:LEU:HD13	0.56	1.75	15	1
1:A:118:GLU:O	1:A:119:GLN:HG3	0.56	2.00	15	1
1:A:235:GLU:OE2	1:A:236:LYS:HB2	0.56	2.01	13	2
1:A:77:ASP:CG	1:A:260:LYS:HD3	0.56	2.19	4	1
1:A:176:ILE:HA	1:A:183:GLY:CA	0.56	2.30	1	3
1:A:74:LEU:CD2	1:A:78:LYS:HB3	0.56	2.31	1	2
1:A:147:PHE:CZ	1:A:203:TYR:CE1	0.56	2.93	7	1
1:A:199:LEU:H	1:A:199:LEU:HD13	0.56	1.54	7	1
1:A:79:VAL:HG21	1:A:105:TYR:CE1	0.56	2.36	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:174:TYR:CE2	1:A:176:ILE:HD11	0.56	2.35	14	1
1:A:152:LYS:C	1:A:178:PHE:HB3	0.56	2.20	9	1
1:A:98:GLU:HG2	1:A:99:SER:N	0.56	2.15	9	2
1:A:63:TYR:HA	1:A:67:ASP:OD2	0.56	1.99	1	1
1:A:46:ILE:HG22	1:A:49:ASN:HD22	0.56	1.55	1	1
1:A:220:TYR:HB3	1:A:224:GLU:CB	0.56	2.30	17	4
1:A:224:GLU:O	1:A:225:LYS:HD3	0.56	2.00	17	2
1:A:144:HIS:H	1:A:144:HIS:CD2	0.56	2.18	14	5
1:A:185:GLY:C	1:A:199:LEU:HB2	0.56	2.21	9	4
1:A:41:THR:CB	1:A:68:SER:HB2	0.56	2.30	4	3
1:A:252:ILE:C	1:A:253:HIS:CD2	0.56	2.78	11	11
1:A:105:TYR:OH	1:A:161:THR:HB	0.56	1.99	10	1
1:A:53:THR:O	1:A:84:PHE:HA	0.56	2.01	3	15
1:A:19:GLY:O	1:A:22:LEU:HD21	0.56	2.00	3	3
1:A:44:ASP:O	1:A:46:ILE:O	0.56	2.24	3	3
1:A:145:THR:CG2	1:A:233:PHE:HB3	0.56	2.28	2	1
1:A:174:TYR:OH	1:A:201:VAL:HB	0.56	2.01	15	1
1:A:246:VAL:CG2	1:A:255:ILE:CG1	0.56	2.84	15	2
1:A:145:THR:HA	1:A:211:HIS:CD2	0.56	2.35	12	2
1:A:164:GLY:N	1:A:169:GLY:HA3	0.56	2.16	6	1
1:A:77:ASP:OD2	1:A:260:LYS:HB3	0.56	2.00	14	1
1:A:121:GLN:CB	1:A:129:MET:HE3	0.56	2.31	12	1
1:A:144:HIS:CB	1:A:211:HIS:NE2	0.56	2.69	8	1
1:A:220:TYR:HB3	1:A:223:ASP:HB3	0.56	1.76	8	1
1:A:107:GLN:CD	1:A:260:LYS:CB	0.56	2.74	8	1
1:A:170:GLY:CA	1:A:189:HIS:CD2	0.56	2.88	1	1
1:A:199:LEU:HD13	1:A:228:TYR:CE1	0.56	2.36	17	1
1:A:220:TYR:HB3	1:A:224:GLU:HB2	0.56	1.78	16	9
1:A:229:SER:O	1:A:230:LEU:HG	0.56	2.01	12	10
1:A:218:VAL:HB	1:A:228:TYR:CD1	0.56	2.35	10	2
1:A:71:THR:HG21	1:A:106:LYS:CE	0.56	2.31	9	2
1:A:86:ARG:NH1	1:A:98:GLU:CD	0.56	2.59	15	2
1:A:39:SER:HB2	1:A:70:ASN:CB	0.56	2.31	10	1
1:A:114:ALA:HB1	1:A:135:PHE:CZ	0.56	2.35	10	2
1:A:63:TYR:CD2	1:A:67:ASP:CG	0.56	2.79	3	1
1:A:63:TYR:OH	1:A:69:LEU:HG	0.56	2.00	8	7
1:A:151:PRO:C	1:A:152:LYS:HD2	0.56	2.20	8	4
1:A:182:GLN:N	1:A:203:TYR:HB3	0.56	2.15	14	1
1:A:107:GLN:NE2	1:A:239:GLU:HG2	0.56	2.16	1	1
1:A:247:GLU:HG3	1:A:252:ILE:CG2	0.56	2.25	10	2
1:A:52:LEU:CG	1:A:52:LEU:O	0.56	2.53	15	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:145:THR:OG1	1:A:235:GLU:HG3	0.56	2.01	15	1
1:A:48:GLN:CA	1:A:65:ASN:OD1	0.56	2.53	4	1
1:A:48:GLN:N	1:A:65:ASN:CG	0.56	2.58	12	2
1:A:187:ILE:CG2	1:A:199:LEU:HD11	0.56	2.31	7	1
1:A:172:LEU:HB2	1:A:174:TYR:OH	0.56	2.00	1	2
1:A:243:SER:HB3	1:A:254:HIS:CE1	0.56	2.36	14	1
1:A:26:LEU:CD1	1:A:26:LEU:N	0.56	2.61	12	2
1:A:154:VAL:O	1:A:177:ASP:HA	0.56	2.01	16	2
1:A:82:PHE:CZ	1:A:102:PHE:CD1	0.56	2.94	9	1
1:A:220:TYR:CB	1:A:223:ASP:CB	0.56	2.83	8	1
1:A:63:TYR:HH	1:A:69:LEU:HD12	0.56	1.61	1	1
1:A:100:GLY:HA3	1:A:116:GLN:O	0.56	2.01	3	8
1:A:153:ASP:HA	1:A:178:PHE:CG	0.56	2.36	10	2
1:A:143:GLU:HB3	1:A:233:PHE:CD1	0.56	2.35	3	1
1:A:116:GLN:CG	1:A:168:ALA:CB	0.56	2.83	2	1
1:A:39:SER:HB3	1:A:70:ASN:ND2	0.56	2.15	15	2
1:A:74:LEU:CD2	1:A:106:LYS:HD2	0.56	2.30	15	1
1:A:158:TYR:CD2	1:A:176:ILE:HG13	0.56	2.34	11	1
1:A:61:LYS:HE2	1:A:68:SER:O	0.56	2.00	11	1
1:A:147:PHE:CE1	1:A:205:LYS:HA	0.56	2.36	13	1
1:A:46:ILE:C	1:A:47:SER:OG	0.56	2.41	13	1
1:A:179:ALA:HB1	1:A:205:LYS:CE	0.56	2.30	4	1
1:A:221:ASN:O	1:A:222:GLN:CG	0.56	2.54	12	2
1:A:81:ARG:HB2	1:A:102:PHE:O	0.56	2.00	7	1
1:A:176:ILE:HG23	1:A:182:GLN:C	0.56	2.21	7	1
1:A:179:ALA:CB	1:A:205:LYS:HD2	0.56	2.28	9	1
1:A:156:ALA:CB	1:A:203:TYR:CD2	0.56	2.89	1	1
1:A:86:ARG:NH2	1:A:100:GLY:HA3	0.56	2.16	5	3
1:A:170:GLY:HA2	1:A:189:HIS:O	0.56	2.01	10	4
1:A:27:THR:O	1:A:29:PRO:HD3	0.56	2.01	14	8
1:A:201:VAL:HG21	1:A:214:ILE:CG2	0.56	2.26	3	2
1:A:153:ASP:C	1:A:177:ASP:OD1	0.56	2.44	3	1
1:A:156:ALA:CB	1:A:178:PHE:CE2	0.56	2.88	12	2
1:A:251:GLY:O	1:A:252:ILE:HG13	0.56	2.01	13	4
1:A:87:GLN:CD	1:A:97:LEU:HA	0.56	2.21	2	2
1:A:140:ILE:HD12	1:A:141:ALA:CA	0.56	2.30	11	1
1:A:135:PHE:CE2	1:A:163:PHE:CZ	0.56	2.93	13	1
1:A:81:ARG:CB	1:A:102:PHE:O	0.56	2.53	7	2
1:A:22:LEU:HD23	1:A:22:LEU:N	0.56	2.16	6	2
1:A:26:LEU:CD2	1:A:56:ALA:CB	0.56	2.83	6	1
1:A:177:ASP:HB2	1:A:182:GLN:CD	0.56	2.22	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:155:MET:HG2	1:A:177:ASP:OD1	0.56	1.99	9	1
1:A:76:ASN:CB	1:A:107:GLN:O	0.56	2.54	16	1
1:A:203:TYR:OH	1:A:205:LYS:HG2	0.56	2.01	17	1
1:A:116:GLN:CD	1:A:168:ALA:CB	0.56	2.74	14	2
1:A:188:GLU:HB2	1:A:196:ASN:OD1	0.56	1.99	15	1
1:A:260:LYS:N	1:A:260:LYS:CE	0.56	2.69	11	1
1:A:110:SER:HB3	1:A:141:ALA:C	0.56	2.21	13	1
1:A:187:ILE:HG22	1:A:197:VAL:HB	0.56	1.77	14	1
1:A:41:THR:O	1:A:42:LEU:O	0.56	2.23	12	1
1:A:76:ASN:HA	1:A:107:GLN:O	0.56	2.01	8	6
1:A:203:TYR:CG	1:A:204:ILE:N	0.56	2.74	3	4
1:A:43:GLU:CG	1:A:44:ASP:N	0.56	2.67	17	1
1:A:154:VAL:HG12	1:A:154:VAL:O	0.56	2.00	10	2
1:A:53:THR:O	1:A:84:PHE:CA	0.56	2.53	14	13
1:A:79:VAL:HG22	1:A:80:SER:N	0.56	2.16	6	3
1:A:187:ILE:HG21	1:A:197:VAL:CG1	0.56	2.30	2	1
1:A:82:PHE:CD1	1:A:82:PHE:O	0.56	2.59	6	4
1:A:38:LYS:HA	1:A:72:GLY:CA	0.56	2.31	15	1
1:A:220:TYR:CD2	1:A:223:ASP:HB2	0.56	2.36	4	1
1:A:159:ARG:HD2	1:A:159:ARG:O	0.56	2.01	5	2
1:A:167:ASP:OD2	1:A:190:LEU:HD22	0.56	2.00	7	1
1:A:156:ALA:HB3	1:A:203:TYR:CE2	0.56	2.35	7	1
1:A:129:MET:HA	1:A:129:MET:HE2	0.56	1.78	12	2
1:A:184:HIS:ND1	1:A:200:ALA:HA	0.56	2.16	14	1
1:A:49:ASN:C	1:A:88:ILE:HG12	0.55	2.22	17	4
1:A:60:GLU:N	1:A:60:GLU:OE2	0.55	2.39	17	1
1:A:89:GLU:HA	1:A:94:LEU:O	0.55	2.01	16	16
1:A:254:HIS:CD2	1:A:254:HIS:H	0.55	2.18	9	2
1:A:143:GLU:O	1:A:235:GLU:HB2	0.55	2.00	10	1
1:A:74:LEU:CD1	1:A:78:LYS:CB	0.55	2.84	9	2
1:A:54:LEU:HG	1:A:54:LEU:O	0.55	2.02	2	4
1:A:86:ARG:HG3	1:A:86:ARG:O	0.55	2.01	2	2
1:A:143:GLU:OE1	1:A:238:GLN:CG	0.55	2.55	11	1
1:A:239:GLU:CD	1:A:260:LYS:HB2	0.55	2.19	16	2
1:A:172:LEU:HB2	1:A:187:ILE:HG22	0.55	1.78	3	1
1:A:181:LYS:HG2	1:A:203:TYR:O	0.55	2.02	3	3
1:A:96:THR:HA	1:A:121:GLN:OE1	0.55	2.00	13	2
1:A:137:ILE:CG1	1:A:139:ASP:OD2	0.55	2.54	7	2
1:A:112:LEU:HD23	1:A:140:ILE:CD1	0.55	2.24	8	1
1:A:147:PHE:CE1	1:A:235:GLU:O	0.55	2.59	1	1
1:A:158:TYR:CZ	1:A:238:GLN:CG	0.55	2.90	17	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:174:TYR:CZ	1:A:228:TYR:CZ	0.55	2.95	17	3
1:A:97:LEU:C	1:A:98:GLU:CD	0.55	2.65	17	1
1:A:97:LEU:O	1:A:121:GLN:HG3	0.55	2.02	9	3
1:A:195:LEU:H	1:A:195:LEU:HD12	0.55	1.61	13	6
1:A:162:ALA:HB3	1:A:187:ILE:HD13	0.55	1.76	15	1
1:A:42:LEU:H	1:A:42:LEU:HD23	0.55	1.61	15	1
1:A:149:LYS:O	1:A:149:LYS:CG	0.55	2.54	4	1
1:A:147:PHE:CG	1:A:178:PHE:CE1	0.55	2.94	7	2
1:A:147:PHE:CE2	1:A:232:ILE:HD11	0.55	2.37	6	1
1:A:107:GLN:CD	1:A:239:GLU:HB3	0.55	2.22	8	1
1:A:174:TYR:CZ	1:A:199:LEU:HD23	0.55	2.36	1	1
1:A:214:ILE:CD1	1:A:232:ILE:CD1	0.55	2.85	1	1
1:A:214:ILE:HD11	1:A:232:ILE:HD11	0.55	1.78	1	1
1:A:190:LEU:HD11	1:A:195:LEU:CG	0.55	2.31	17	2
1:A:170:GLY:CA	1:A:189:HIS:O	0.55	2.54	10	2
1:A:176:ILE:CD1	1:A:214:ILE:CG1	0.55	2.85	3	2
1:A:212:ALA:O	1:A:232:ILE:O	0.55	2.24	3	1
1:A:174:TYR:OH	1:A:199:LEU:CD2	0.55	2.54	2	3
1:A:77:ASP:OD1	1:A:77:ASP:N	0.55	2.39	1	2
1:A:199:LEU:CD1	1:A:228:TYR:CZ	0.55	2.89	11	2
1:A:97:LEU:HB3	1:A:121:GLN:OE1	0.55	2.01	11	2
1:A:122:ASP:OD1	1:A:130:VAL:HG22	0.55	2.00	9	2
1:A:170:GLY:HA2	1:A:189:HIS:HB2	0.55	1.78	7	2
1:A:113:THR:N	1:A:139:ASP:HA	0.55	2.15	6	1
1:A:20:THR:CG2	1:A:57:GLN:CD	0.55	2.73	14	1
1:A:36:GLY:O	1:A:37:LEU:HD22	0.55	2.01	12	1
1:A:77:ASP:HB2	1:A:260:LYS:CG	0.55	2.31	17	1
1:A:149:LYS:HD2	1:A:149:LYS:N	0.55	2.15	15	3
1:A:118:GLU:OE1	1:A:118:GLU:O	0.55	2.23	17	1
1:A:160:GLY:HA3	1:A:259:ALA:HA	0.55	1.78	12	17
1:A:110:SER:HB3	1:A:140:ILE:O	0.55	2.02	10	2
1:A:218:VAL:O	1:A:219:LEU:HG	0.55	2.01	2	4
1:A:46:ILE:CG2	1:A:50:GLY:HA3	0.55	2.31	12	3
1:A:54:LEU:CD1	1:A:54:LEU:C	0.55	2.73	13	4
1:A:107:GLN:HG3	1:A:108:SER:N	0.55	2.16	6	4
1:A:46:ILE:C	1:A:65:ASN:CG	0.55	2.65	15	1
1:A:170:GLY:CA	1:A:189:HIS:HB2	0.55	2.31	7	1
1:A:24:ASP:O	1:A:28:ALA:C	0.55	2.45	7	1
1:A:150:LEU:H	1:A:151:PRO:CD	0.55	2.14	8	3
1:A:46:ILE:HD12	1:A:65:ASN:N	0.55	2.17	1	1
1:A:47:SER:HA	1:A:65:ASN:ND2	0.55	2.17	2	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:188:GLU:HB3	1:A:196:ASN:CG	0.55	2.22	8	6
1:A:47:SER:HA	1:A:65:ASN:HB2	0.55	1.79	16	8
1:A:42:LEU:HD12	1:A:68:SER:CA	0.55	2.30	3	2
1:A:86:ARG:C	1:A:87:GLN:HG2	0.55	2.22	13	5
1:A:174:TYR:CE2	1:A:228:TYR:CZ	0.55	2.94	7	1
1:A:172:LEU:HG	1:A:172:LEU:O	0.55	2.02	6	1
1:A:174:TYR:HB3	1:A:185:GLY:HA3	0.55	1.78	14	1
1:A:85:ILE:HD13	1:A:87:GLN:OE1	0.55	2.01	14	1
1:A:85:ILE:CG1	1:A:99:SER:CB	0.55	2.84	12	2
1:A:39:SER:O	1:A:40:LEU:CD1	0.55	2.55	12	2
1:A:172:LEU:HD13	1:A:174:TYR:CD2	0.55	2.34	1	1
1:A:208:GLU:O	1:A:209:LYS:HG3	0.55	2.01	5	9
1:A:190:LEU:HD23	1:A:190:LEU:N	0.55	2.17	8	2
1:A:26:LEU:CD1	1:A:56:ALA:HB2	0.55	2.31	10	5
1:A:79:VAL:HG23	1:A:105:TYR:CE1	0.55	2.37	10	1
1:A:80:SER:HB2	1:A:104:VAL:O	0.55	2.02	9	5
1:A:196:ASN:N	1:A:220:TYR:CD1	0.55	2.75	3	1
1:A:95:ILE:HG22	1:A:96:THR:N	0.55	2.15	3	1
1:A:136:ARG:O	1:A:137:ILE:HD13	0.55	2.02	3	2
1:A:208:GLU:O	1:A:209:LYS:HG2	0.55	2.01	2	1
1:A:208:GLU:O	1:A:209:LYS:HD3	0.55	2.02	2	3
1:A:81:ARG:HD2	1:A:103:GLN:NE2	0.55	2.17	15	1
1:A:180:ALA:O	1:A:182:GLN:HB2	0.55	2.01	14	5
1:A:96:THR:HG23	1:A:122:ASP:OD2	0.55	2.01	15	1
1:A:86:ARG:CZ	1:A:98:GLU:HB3	0.55	2.31	15	1
1:A:180:ALA:O	1:A:181:LYS:CG	0.55	2.55	9	2
1:A:22:LEU:N	1:A:22:LEU:HD23	0.55	2.16	13	2
1:A:176:ILE:HB	1:A:183:GLY:HA2	0.55	1.78	12	3
1:A:105:TYR:OH	1:A:260:LYS:HG2	0.55	2.02	9	3
1:A:117:THR:C	1:A:118:GLU:HG3	0.55	2.22	4	1
1:A:144:HIS:HB2	1:A:210:HIS:ND1	0.55	2.16	7	1
1:A:183:GLY:O	1:A:201:VAL:HG23	0.55	2.01	6	1
1:A:29:PRO:HA	1:A:70:ASN:CG	0.55	2.22	8	3
1:A:147:PHE:O	1:A:151:PRO:HD3	0.55	2.01	8	1
1:A:158:TYR:CE2	1:A:232:ILE:HG23	0.55	2.37	1	1
1:A:234:GLY:HA2	1:A:238:GLN:HG3	0.55	1.79	1	1
1:A:98:GLU:HG2	1:A:119:GLN:O	0.55	2.01	16	1
1:A:146:SER:HA	1:A:211:HIS:HA	0.55	1.78	6	13
1:A:119:GLN:HG2	1:A:130:VAL:O	0.55	2.01	17	1
1:A:148:ASP:CG	1:A:205:LYS:HD2	0.55	2.21	6	2
1:A:77:ASP:OD1	1:A:260:LYS:HD2	0.55	2.02	4	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:55:SER:CB	1:A:60:GLU:HB3	0.55	2.32	13	4
1:A:85:ILE:HG13	1:A:99:SER:CB	0.55	2.31	13	4
1:A:115:LEU:CD2	1:A:136:ARG:HB3	0.55	2.31	4	3
1:A:54:LEU:O	1:A:54:LEU:HG	0.55	2.02	12	7
1:A:135:PHE:CD1	1:A:163:PHE:CZ	0.55	2.94	13	2
1:A:145:THR:HB	1:A:235:GLU:OE1	0.55	2.02	13	1
1:A:107:GLN:HB3	1:A:239:GLU:OE2	0.55	2.02	14	3
1:A:240:VAL:O	1:A:240:VAL:CG1	0.55	2.54	4	2
1:A:52:LEU:HD11	1:A:63:TYR:CE2	0.55	2.36	4	1
1:A:131:ALA:O	1:A:132:LYS:HG2	0.55	2.02	9	3
1:A:201:VAL:CG2	1:A:214:ILE:CD1	0.55	2.81	5	1
1:A:85:ILE:HG12	1:A:87:GLN:CG	0.55	2.32	5	1
1:A:42:LEU:CD1	1:A:67:ASP:HB3	0.55	2.29	7	1
1:A:152:LYS:CD	1:A:152:LYS:N	0.55	2.70	16	2
1:A:121:GLN:HB2	1:A:129:MET:HE3	0.55	1.79	12	1
1:A:46:ILE:O	1:A:47:SER:O	0.55	2.25	12	1
1:A:151:PRO:C	1:A:178:PHE:CG	0.55	2.79	9	1
1:A:77:ASP:HB3	1:A:260:LYS:HB2	0.55	1.79	9	1
1:A:151:PRO:HB3	1:A:178:PHE:CD1	0.55	2.37	8	1
1:A:49:ASN:CA	1:A:88:ILE:HG13	0.55	2.31	16	1
1:A:214:ILE:CD1	1:A:240:VAL:HG21	0.55	2.15	16	3
1:A:163:PHE:O	1:A:255:ILE:HA	0.55	2.01	16	8
1:A:145:THR:OG1	1:A:235:GLU:HB2	0.55	2.00	10	3
1:A:150:LEU:HG	1:A:150:LEU:O	0.55	2.02	3	3
1:A:88:ILE:HB	1:A:95:ILE:HG21	0.55	1.78	3	1
1:A:116:GLN:CD	1:A:168:ALA:HB2	0.55	2.22	2	1
1:A:86:ARG:NE	1:A:98:GLU:HB3	0.55	2.16	15	1
1:A:230:LEU:CD1	1:A:257:LEU:HB2	0.55	2.31	4	2
1:A:141:ALA:CB	1:A:233:PHE:CD1	0.55	2.90	5	2
1:A:181:LYS:HD2	1:A:181:LYS:O	0.55	2.02	7	1
1:A:168:ALA:CA	1:A:190:LEU:HD23	0.55	2.31	6	1
1:A:110:SER:HB3	1:A:142:GLY:N	0.55	2.16	12	1
1:A:195:LEU:HD12	1:A:196:ASN:H	0.55	1.62	12	1
1:A:110:SER:HB2	1:A:142:GLY:O	0.55	2.02	1	1
1:A:140:ILE:CD1	1:A:144:HIS:NE2	0.55	2.70	1	1
1:A:172:LEU:HD12	1:A:172:LEU:O	0.55	2.01	1	1
1:A:101:GLU:OE1	1:A:163:PHE:CZ	0.55	2.60	16	1
1:A:70:ASN:C	1:A:70:ASN:OD1	0.55	2.44	16	1
1:A:76:ASN:C	1:A:107:GLN:O	0.55	2.45	13	2
1:A:87:GLN:HG2	1:A:97:LEU:CA	0.55	2.32	12	5
1:A:188:GLU:HG2	1:A:196:ASN:OD1	0.55	2.02	11	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:158:TYR:CE2	1:A:238:GLN:C	0.55	2.80	13	1
1:A:162:ALA:CB	1:A:256:GLY:O	0.55	2.53	13	2
1:A:230:LEU:HD11	1:A:257:LEU:HB2	0.55	1.77	4	2
1:A:46:ILE:O	1:A:65:ASN:HA	0.55	2.02	12	2
1:A:197:VAL:HB	1:A:219:LEU:O	0.55	2.02	5	2
1:A:235:GLU:OE1	1:A:236:LYS:HD3	0.55	2.02	7	1
1:A:105:TYR:CE1	1:A:260:LYS:HE2	0.55	2.37	12	1
1:A:121:GLN:O	1:A:121:GLN:HG3	0.55	2.01	12	1
1:A:214:ILE:CD1	1:A:240:VAL:HG23	0.55	2.29	9	1
1:A:143:GLU:O	1:A:233:PHE:C	0.55	2.45	1	1
1:A:64:GLY:CA	1:A:67:ASP:OD1	0.55	2.55	1	1
1:A:48:GLN:O	1:A:88:ILE:HG12	0.55	2.02	1	1
1:A:203:TYR:HA	1:A:213:VAL:O	0.54	2.02	5	5
1:A:54:LEU:HD22	1:A:84:PHE:HB3	0.54	1.78	9	4
1:A:189:HIS:NE2	1:A:255:ILE:HG21	0.54	2.17	10	1
1:A:120:GLU:HB3	1:A:130:VAL:HB	0.54	1.78	2	6
1:A:103:GLN:HB3	1:A:114:ALA:CB	0.54	2.29	14	3
1:A:186:LYS:CA	1:A:199:LEU:HB2	0.54	2.32	2	4
1:A:224:GLU:O	1:A:225:LYS:HG2	0.54	2.02	15	2
1:A:195:LEU:H	1:A:195:LEU:HD23	0.54	1.61	11	1
1:A:181:LYS:HA	1:A:203:TYR:N	0.54	2.18	7	2
1:A:107:GLN:HG2	1:A:110:SER:C	0.54	2.23	9	1
1:A:149:LYS:HE3	1:A:150:LEU:HB3	0.54	1.79	9	1
1:A:86:ARG:NE	1:A:98:GLU:CD	0.54	2.60	1	1
1:A:172:LEU:CB	1:A:186:LYS:O	0.54	2.55	7	3
1:A:148:ASP:O	1:A:151:PRO:HD3	0.54	2.02	10	4
1:A:137:ILE:HD11	1:A:163:PHE:CE2	0.54	2.37	2	2
1:A:171:LYS:HB3	1:A:188:GLU:HB2	0.54	1.78	2	3
1:A:210:HIS:ND1	1:A:210:HIS:N	0.54	2.54	2	1
1:A:161:THR:O	1:A:172:LEU:HD21	0.54	2.01	11	2
1:A:203:TYR:HE1	1:A:214:ILE:HG23	0.54	1.56	11	1
1:A:156:ALA:HB2	1:A:178:PHE:CE1	0.54	2.38	13	1
1:A:120:GLU:HG3	1:A:132:LYS:CD	0.54	2.32	13	1
1:A:151:PRO:CA	1:A:178:PHE:CD2	0.54	2.90	5	2
1:A:22:LEU:O	1:A:26:LEU:HD12	0.54	2.01	7	3
1:A:105:TYR:OH	1:A:260:LYS:HB3	0.54	2.03	9	1
1:A:110:SER:OG	1:A:141:ALA:HA	0.54	2.02	9	2
1:A:199:LEU:HD23	1:A:218:VAL:HG22	0.54	1.73	8	1
1:A:120:GLU:O	1:A:121:GLN:HG3	0.54	2.01	1	1
1:A:52:LEU:HG	1:A:63:TYR:O	0.54	2.01	13	13
1:A:176:ILE:HD12	1:A:203:TYR:HB2	0.54	1.79	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:204:ILE:CB	1:A:213:VAL:HG23	0.54	2.31	3	1
1:A:150:LEU:O	1:A:150:LEU:HG	0.54	2.02	1	2
1:A:74:LEU:HD22	1:A:106:LYS:HD2	0.54	1.77	5	2
1:A:228:TYR:OH	1:A:257:LEU:CD1	0.54	2.54	11	2
1:A:180:ALA:O	1:A:181:LYS:HE2	0.54	2.01	11	1
1:A:145:THR:CB	1:A:235:GLU:CG	0.54	2.85	13	1
1:A:149:LYS:HG2	1:A:235:GLU:OE1	0.54	2.02	13	1
1:A:30:LEU:HD21	1:A:71:THR:HA	0.54	1.79	13	1
1:A:208:GLU:O	1:A:209:LYS:HD2	0.54	2.02	14	4
1:A:102:PHE:CE1	1:A:104:VAL:HG22	0.54	2.38	7	1
1:A:69:LEU:CD2	1:A:71:THR:CG2	0.54	2.86	14	1
1:A:198:ASP:HB2	1:A:219:LEU:O	0.54	2.02	9	2
1:A:174:TYR:HB3	1:A:185:GLY:N	0.54	2.17	16	1
1:A:234:GLY:C	1:A:236:LYS:N	0.54	2.60	2	11
1:A:213:VAL:O	1:A:214:ILE:HG13	0.54	2.03	4	4
1:A:136:ARG:NH1	1:A:137:ILE:O	0.54	2.40	10	2
1:A:79:VAL:CG1	1:A:105:TYR:CD2	0.54	2.90	2	3
1:A:42:LEU:HD12	1:A:42:LEU:C	0.54	2.22	6	2
1:A:147:PHE:HB2	1:A:151:PRO:HG2	0.54	1.78	13	1
1:A:230:LEU:HD11	1:A:242:GLY:N	0.54	2.17	4	2
1:A:221:ASN:O	1:A:222:GLN:HG2	0.54	2.01	4	3
1:A:243:SER:HA	1:A:255:ILE:O	0.54	2.02	14	2
1:A:26:LEU:HD22	1:A:56:ALA:HB2	0.54	1.79	14	2
1:A:151:PRO:C	1:A:178:PHE:CD2	0.54	2.81	9	1
1:A:174:TYR:CE2	1:A:228:TYR:CE2	0.54	2.95	8	1
1:A:99:SER:O	1:A:117:THR:HG23	0.54	2.03	8	1
1:A:84:PHE:CE1	1:A:102:PHE:CG	0.54	2.96	1	1
1:A:172:LEU:CB	1:A:187:ILE:HA	0.54	2.32	10	3
1:A:71:THR:CB	1:A:74:LEU:CD2	0.54	2.86	10	2
1:A:52:LEU:CB	1:A:85:ILE:O	0.54	2.55	16	10
1:A:107:GLN:OE1	1:A:110:SER:HB2	0.54	2.02	11	2
1:A:77:ASP:HB3	1:A:260:LYS:NZ	0.54	2.16	2	2
1:A:33:LYS:CE	1:A:33:LYS:HA	0.54	2.33	3	1
1:A:150:LEU:HD13	1:A:238:GLN:CD	0.54	2.23	2	1
1:A:171:LYS:HB2	1:A:188:GLU:HB3	0.54	1.79	2	2
1:A:144:HIS:CB	1:A:235:GLU:HB2	0.54	2.32	2	1
1:A:129:MET:HE3	1:A:129:MET:O	0.54	2.01	15	1
1:A:174:TYR:CE1	1:A:184:HIS:C	0.54	2.81	4	1
1:A:37:LEU:C	1:A:37:LEU:HD13	0.54	2.23	4	1
1:A:208:GLU:HG3	1:A:209:LYS:CD	0.54	2.33	9	1
1:A:158:TYR:CE2	1:A:238:GLN:CG	0.54	2.91	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:86:ARG:C	1:A:87:GLN:HG3	0.54	2.23	7	3
1:A:90:VAL:HG11	1:A:93:GLN:NE2	0.54	2.17	10	2
1:A:239:GLU:HG3	1:A:259:ALA:O	0.54	2.03	15	4
1:A:140:ILE:HG23	1:A:141:ALA:N	0.54	2.15	3	1
1:A:158:TYR:HA	1:A:261:GLN:OXT	0.54	2.03	15	4
1:A:74:LEU:CD1	1:A:75:LYS:O	0.54	2.56	4	2
1:A:188:GLU:CG	1:A:196:ASN:OD1	0.54	2.55	11	1
1:A:159:ARG:HG3	1:A:159:ARG:O	0.54	2.01	13	3
1:A:181:LYS:O	1:A:181:LYS:HG3	0.54	2.01	7	2
1:A:185:GLY:C	1:A:199:LEU:CD2	0.54	2.76	7	1
1:A:77:ASP:O	1:A:260:LYS:HD3	0.54	2.03	7	1
1:A:77:ASP:O	1:A:78:LYS:HG2	0.54	2.02	8	2
1:A:214:ILE:HD11	1:A:240:VAL:CG2	0.54	2.30	9	1
1:A:144:HIS:NE2	1:A:235:GLU:CB	0.54	2.70	17	1
1:A:79:VAL:HG22	1:A:81:ARG:NH2	0.54	2.18	10	1
1:A:97:LEU:HB2	1:A:121:GLN:HG3	0.54	1.80	9	3
1:A:178:PHE:O	1:A:179:ALA:C	0.54	2.44	14	10
1:A:146:SER:O	1:A:149:LYS:HD2	0.54	2.02	11	1
1:A:228:TYR:HE2	1:A:257:LEU:HD13	0.54	1.63	13	1
1:A:197:VAL:HG23	1:A:223:ASP:CG	0.54	2.23	4	1
1:A:254:HIS:H	1:A:254:HIS:CD2	0.54	2.21	5	1
1:A:146:SER:O	1:A:149:LYS:HG3	0.54	2.03	6	1
1:A:148:ASP:CG	1:A:205:LYS:HG2	0.54	2.23	6	2
1:A:158:TYR:OH	1:A:235:GLU:HA	0.54	2.03	9	1
1:A:26:LEU:O	1:A:61:LYS:HE2	0.54	2.02	8	1
1:A:48:GLN:CG	1:A:49:ASN:ND2	0.54	2.71	1	1
1:A:32:HIS:C	1:A:33:LYS:HG2	0.54	2.21	1	1
1:A:203:TYR:OH	1:A:205:LYS:HD3	0.54	2.03	17	1
1:A:170:GLY:C	1:A:189:HIS:O	0.54	2.47	10	1
1:A:46:ILE:HG13	1:A:67:ASP:OD1	0.54	2.02	14	3
1:A:158:TYR:CZ	1:A:176:ILE:HB	0.54	2.38	11	1
1:A:164:GLY:N	1:A:189:HIS:NE2	0.54	2.56	11	1
1:A:143:GLU:HB3	1:A:233:PHE:HB3	0.54	1.80	5	2
1:A:25:ALA:HB1	1:A:70:ASN:O	0.54	2.02	5	1
1:A:78:LYS:C	1:A:105:TYR:CE1	0.54	2.81	7	1
1:A:171:LYS:HD3	1:A:188:GLU:OE1	0.54	2.03	6	1
1:A:170:GLY:HA3	1:A:190:LEU:CB	0.54	2.33	6	1
1:A:201:VAL:HG12	1:A:215:SER:CA	0.54	2.33	6	1
1:A:239:GLU:HG3	1:A:260:LYS:CB	0.54	2.32	6	1
1:A:144:HIS:O	1:A:235:GLU:HG3	0.54	2.03	14	1
1:A:46:ILE:O	1:A:47:SER:C	0.54	2.47	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:86:ARG:NE	1:A:98:GLU:OE1	0.54	2.41	1	1
1:A:172:LEU:HA	1:A:174:TYR:OH	0.54	2.02	16	1
1:A:71:THR:HB	1:A:74:LEU:CG	0.54	2.32	16	1
1:A:77:ASP:HB2	1:A:260:LYS:HD2	0.54	1.77	10	7
1:A:203:TYR:OH	1:A:232:ILE:HG12	0.54	2.02	10	3
1:A:110:SER:OG	1:A:142:GLY:HA2	0.54	2.03	7	2
1:A:61:LYS:HG2	1:A:63:TYR:CD1	0.54	2.37	1	3
1:A:172:LEU:HD12	1:A:174:TYR:CD1	0.54	2.37	7	3
1:A:187:ILE:CD1	1:A:188:GLU:N	0.54	2.60	15	1
1:A:146:SER:HB2	1:A:210:HIS:O	0.54	2.03	12	4
1:A:87:GLN:OE1	1:A:97:LEU:CB	0.54	2.55	15	1
1:A:188:GLU:HB3	1:A:196:ASN:ND2	0.54	2.17	13	2
1:A:188:GLU:O	1:A:188:GLU:HG3	0.54	2.03	8	2
1:A:146:SER:HB3	1:A:210:HIS:O	0.54	2.03	8	2
1:A:153:ASP:CB	1:A:180:ALA:CB	0.54	2.86	6	1
1:A:145:THR:HB	1:A:233:PHE:HA	0.54	1.80	9	1
1:A:77:ASP:O	1:A:260:LYS:HD2	0.54	2.03	17	2
1:A:145:THR:OG1	1:A:211:HIS:HB3	0.54	2.02	9	2
1:A:146:SER:HA	1:A:210:HIS:C	0.54	2.24	4	2
1:A:49:ASN:CA	1:A:88:ILE:HD11	0.54	2.33	17	1
1:A:246:VAL:O	1:A:253:HIS:CD2	0.54	2.61	5	5
1:A:144:HIS:CG	1:A:235:GLU:CB	0.54	2.91	2	1
1:A:198:ASP:C	1:A:198:ASP:OD1	0.54	2.42	15	1
1:A:204:ILE:CG2	1:A:205:LYS:N	0.54	2.71	15	3
1:A:42:LEU:HG	1:A:67:ASP:O	0.54	2.03	6	3
1:A:214:ILE:HG13	1:A:232:ILE:CG2	0.54	2.30	13	2
1:A:39:SER:HB3	1:A:70:ASN:HA	0.54	1.75	4	3
1:A:232:ILE:HA	1:A:240:VAL:CB	0.54	2.31	5	2
1:A:176:ILE:CG1	1:A:183:GLY:HA3	0.54	2.33	7	1
1:A:154:VAL:O	1:A:178:PHE:HB2	0.54	2.03	6	3
1:A:185:GLY:O	1:A:199:LEU:HG	0.54	2.03	6	1
1:A:30:LEU:CD2	1:A:39:SER:CB	0.54	2.81	6	1
1:A:151:PRO:C	1:A:152:LYS:CG	0.54	2.77	8	4
1:A:159:ARG:CD	1:A:159:ARG:O	0.54	2.56	1	2
1:A:77:ASP:CG	1:A:77:ASP:O	0.54	2.46	12	1
1:A:151:PRO:HA	1:A:178:PHE:CG	0.54	2.38	9	1
1:A:57:GLN:NE2	1:A:81:ARG:NH1	0.54	2.56	8	1
1:A:112:LEU:HD12	1:A:258:ALA:CB	0.53	2.31	17	2
1:A:105:TYR:OH	1:A:260:LYS:N	0.53	2.40	17	1
1:A:228:TYR:CD2	1:A:230:LEU:CD1	0.53	2.91	9	3
1:A:30:LEU:HD11	1:A:38:LYS:CB	0.53	2.33	17	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:177:ASP:HB2	1:A:181:LYS:HG3	0.53	1.80	10	2
1:A:79:VAL:CG2	1:A:81:ARG:CZ	0.53	2.86	10	1
1:A:151:PRO:O	1:A:152:LYS:HG3	0.53	2.03	6	9
1:A:116:GLN:HG2	1:A:168:ALA:CB	0.53	2.25	2	1
1:A:174:TYR:OH	1:A:199:LEU:CD1	0.53	2.53	2	1
1:A:154:VAL:O	1:A:177:ASP:CG	0.53	2.47	15	1
1:A:218:VAL:HG21	1:A:228:TYR:HD1	0.53	1.59	15	3
1:A:165:SER:CB	1:A:254:HIS:NE2	0.53	2.72	6	4
1:A:50:GLY:HA2	1:A:88:ILE:CG1	0.53	2.33	11	2
1:A:107:GLN:CG	1:A:112:LEU:HD21	0.53	2.32	13	1
1:A:240:VAL:HG13	1:A:240:VAL:O	0.53	2.03	14	3
1:A:77:ASP:O	1:A:105:TYR:CE1	0.53	2.61	14	1
1:A:63:TYR:CG	1:A:67:ASP:CG	0.53	2.82	12	1
1:A:179:ALA:HB3	1:A:205:LYS:HZ3	0.53	1.62	9	1
1:A:154:VAL:CG2	1:A:178:PHE:CD2	0.53	2.92	8	1
1:A:39:SER:CB	1:A:70:ASN:OD1	0.53	2.56	8	1
1:A:172:LEU:CA	1:A:174:TYR:OH	0.53	2.56	16	1
1:A:76:ASN:CG	1:A:108:SER:HA	0.53	2.24	17	2
1:A:77:ASP:CA	1:A:260:LYS:CD	0.53	2.87	17	1
1:A:200:ALA:O	1:A:216:GLY:HA3	0.53	2.04	9	10
1:A:227:SER:O	1:A:228:TYR:CD1	0.53	2.62	1	2
1:A:172:LEU:HB3	1:A:187:ILE:HB	0.53	1.79	3	1
1:A:206:PRO:O	1:A:207:ASP:O	0.53	2.26	3	2
1:A:107:GLN:CB	1:A:239:GLU:OE1	0.53	2.56	2	1
1:A:34:ASP:N	1:A:34:ASP:OD1	0.53	2.38	2	1
1:A:115:LEU:HG	1:A:136:ARG:HB3	0.53	1.79	4	3
1:A:108:SER:HB3	1:A:143:GLU:CD	0.53	2.24	11	1
1:A:203:TYR:O	1:A:203:TYR:CD1	0.53	2.61	13	1
1:A:121:GLN:HA	1:A:130:VAL:HG23	0.53	1.78	5	3
1:A:149:LYS:CE	1:A:235:GLU:HG2	0.53	2.33	7	1
1:A:63:TYR:CD2	1:A:67:ASP:OD1	0.53	2.61	7	1
1:A:180:ALA:O	1:A:181:LYS:HD2	0.53	2.03	8	1
1:A:201:VAL:HG13	1:A:215:SER:O	0.53	2.02	4	7
1:A:184:HIS:CD2	1:A:184:HIS:O	0.53	2.60	1	2
1:A:54:LEU:O	1:A:60:GLU:HA	0.53	2.04	17	6
1:A:251:GLY:O	1:A:253:HIS:CD2	0.53	2.61	9	6
1:A:207:ASP:N	1:A:213:VAL:HG12	0.53	2.18	10	1
1:A:176:ILE:HD11	1:A:214:ILE:CD1	0.53	2.32	4	2
1:A:165:SER:OG	1:A:254:HIS:HB3	0.53	2.03	11	2
1:A:77:ASP:CG	1:A:260:LYS:HD2	0.53	2.22	4	3
1:A:224:GLU:C	1:A:225:LYS:HD2	0.53	2.23	12	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:152:LYS:O	1:A:154:VAL:CB	0.53	2.57	15	2
1:A:151:PRO:HA	1:A:178:PHE:CZ	0.53	2.38	2	2
1:A:163:PHE:CD1	1:A:256:GLY:O	0.53	2.61	2	1
1:A:187:ILE:CG2	1:A:197:VAL:CG1	0.53	2.87	2	1
1:A:89:GLU:OE1	1:A:89:GLU:O	0.53	2.25	2	1
1:A:107:GLN:HG2	1:A:110:SER:OG	0.53	2.02	15	1
1:A:210:HIS:ND1	1:A:211:HIS:CD2	0.53	2.77	14	5
1:A:155:MET:HG3	1:A:177:ASP:CG	0.53	2.24	9	2
1:A:223:ASP:C	1:A:224:GLU:HG2	0.53	2.22	4	1
1:A:97:LEU:O	1:A:121:GLN:HG2	0.53	2.04	8	2
1:A:153:ASP:O	1:A:181:LYS:HE2	0.53	2.01	8	1
1:A:94:LEU:O	1:A:95:ILE:CD1	0.53	2.57	11	4
1:A:205:LYS:HB3	1:A:206:PRO:HD3	0.53	1.80	15	7
1:A:255:ILE:HD12	1:A:255:ILE:H	0.53	1.64	14	6
1:A:86:ARG:O	1:A:87:GLN:HG2	0.53	2.04	11	3
1:A:38:LYS:CA	1:A:72:GLY:CA	0.53	2.86	15	1
1:A:31:ASP:OD1	1:A:33:LYS:HE3	0.53	2.03	11	1
1:A:172:LEU:C	1:A:172:LEU:CD1	0.53	2.65	1	2
1:A:87:GLN:HE21	1:A:97:LEU:HD23	0.53	1.60	9	1
1:A:26:LEU:O	1:A:61:LYS:HE3	0.53	2.02	17	1
1:A:26:LEU:O	1:A:61:LYS:HG3	0.53	2.03	17	2
1:A:143:GLU:HB3	1:A:233:PHE:CD2	0.53	2.38	5	2
1:A:220:TYR:HB3	1:A:223:ASP:HB2	0.53	1.78	4	3
1:A:107:GLN:CG	1:A:110:SER:OG	0.53	2.57	15	1
1:A:54:LEU:HA	1:A:83:ASP:O	0.53	2.04	1	5
1:A:244:ALA:CB	1:A:255:ILE:HD11	0.53	2.32	9	3
1:A:201:VAL:HG21	1:A:214:ILE:HD12	0.53	1.76	5	1
1:A:201:VAL:CG2	1:A:228:TYR:CD2	0.53	2.83	14	1
1:A:186:LYS:HE3	1:A:198:ASP:CB	0.53	2.34	12	1
1:A:220:TYR:O	1:A:221:ASN:HB2	0.53	2.03	12	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:104:VAL:HG23	0.53	2.39	8	2
1:A:218:VAL:O	1:A:219:LEU:CG	0.53	2.57	10	3
1:A:79:VAL:C	1:A:80:SER:OG	0.53	2.46	10	2
1:A:79:VAL:HG13	1:A:81:ARG:NH2	0.53	2.19	10	1
1:A:120:GLU:O	1:A:129:MET:CA	0.53	2.56	9	3
1:A:145:THR:OG1	1:A:149:LYS:HE3	0.53	2.03	3	2
1:A:248:THR:OG1	1:A:253:HIS:NE2	0.53	2.42	13	1
1:A:146:SER:HA	1:A:211:HIS:CA	0.53	2.34	1	4
1:A:156:ALA:HB1	1:A:158:TYR:CE1	0.53	2.38	7	1
1:A:198:ASP:OD1	1:A:220:TYR:HA	0.53	2.03	14	1
1:A:203:TYR:OH	1:A:212:ALA:HA	0.53	2.03	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:82:PHE:CE1	1:A:102:PHE:HB2	0.53	2.39	12	1
1:A:177:ASP:O	1:A:203:TYR:HB3	0.53	2.03	1	1
1:A:147:PHE:HD1	1:A:150:LEU:HD21	0.53	1.63	2	2
1:A:97:LEU:O	1:A:121:GLN:HB2	0.53	2.04	10	3
1:A:23:ALA:O	1:A:27:THR:OG1	0.53	2.18	4	3
1:A:94:LEU:O	1:A:95:ILE:HD12	0.53	2.04	11	2
1:A:23:ALA:HB1	1:A:58:GLY:CA	0.53	2.34	9	7
1:A:74:LEU:CD2	1:A:106:LYS:HD3	0.53	2.33	3	1
1:A:145:THR:OG1	1:A:149:LYS:HD2	0.53	2.03	3	2
1:A:147:PHE:CE2	1:A:212:ALA:HB2	0.53	2.36	2	1
1:A:76:ASN:OD1	1:A:108:SER:HA	0.53	2.02	5	2
1:A:203:TYR:CZ	1:A:214:ILE:CG2	0.53	2.92	9	2
1:A:139:ASP:OD2	1:A:241:ALA:CB	0.53	2.56	4	1
1:A:26:LEU:CA	1:A:61:LYS:HB2	0.53	2.33	7	1
1:A:54:LEU:CD1	1:A:82:PHE:CD1	0.53	2.89	7	1
1:A:46:ILE:O	1:A:65:ASN:CA	0.53	2.57	12	1
1:A:158:TYR:OH	1:A:238:GLN:HG3	0.53	2.02	3	2
1:A:105:TYR:O	1:A:112:LEU:HG	0.53	2.04	3	2
1:A:182:GLN:CD	1:A:184:HIS:CE1	0.53	2.82	10	1
1:A:146:SER:O	1:A:149:LYS:HD3	0.53	2.04	1	3
1:A:39:SER:OG	1:A:70:ASN:OD1	0.53	2.27	10	1
1:A:196:ASN:HB2	1:A:220:TYR:CZ	0.53	2.39	3	1
1:A:224:GLU:O	1:A:225:LYS:HG3	0.53	2.03	3	5
1:A:243:SER:OG	1:A:254:HIS:CE1	0.53	2.62	2	1
1:A:84:PHE:CE1	1:A:86:ARG:NH1	0.53	2.77	2	1
1:A:188:GLU:HB3	1:A:196:ASN:HB3	0.53	1.81	15	5
1:A:220:TYR:HB2	1:A:224:GLU:HB2	0.53	1.81	11	2
1:A:234:GLY:N	1:A:238:GLN:HB2	0.53	2.19	11	1
1:A:75:LYS:O	1:A:78:LYS:HG3	0.53	2.03	11	1
1:A:149:LYS:O	1:A:149:LYS:HG2	0.53	2.04	16	2
1:A:183:GLY:HA3	1:A:214:ILE:CD1	0.53	2.34	13	1
1:A:77:ASP:O	1:A:78:LYS:HG3	0.53	2.04	13	1
1:A:29:PRO:HB2	1:A:31:ASP:OD2	0.53	2.03	13	1
1:A:33:LYS:O	1:A:33:LYS:HG3	0.53	2.02	13	1
1:A:195:LEU:C	1:A:223:ASP:OD1	0.53	2.46	4	1
1:A:149:LYS:C	1:A:149:LYS:HD3	0.53	2.23	16	1
1:A:52:LEU:C	1:A:52:LEU:HD12	0.53	2.24	3	3
1:A:170:GLY:HA2	1:A:189:HIS:HA	0.53	1.79	10	6
1:A:74:LEU:H	1:A:74:LEU:HD23	0.53	1.64	7	4
1:A:92:GLY:C	1:A:93:GLN:HG2	0.53	2.24	5	3
1:A:180:ALA:C	1:A:181:LYS:HG2	0.53	2.24	11	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:77:ASP:HB3	1:A:260:LYS:HD3	0.53	1.80	4	1
1:A:85:ILE:HG12	1:A:99:SER:OG	0.53	2.04	7	2
1:A:203:TYR:CE1	1:A:214:ILE:HD11	0.53	2.39	6	1
1:A:30:LEU:O	1:A:31:ASP:C	0.53	2.47	6	1
1:A:156:ALA:CB	1:A:238:GLN:OE1	0.53	2.56	14	1
1:A:177:ASP:N	1:A:182:GLN:HB2	0.53	2.19	12	1
1:A:110:SER:HB3	1:A:141:ALA:O	0.53	2.03	1	1
1:A:88:ILE:HD11	1:A:94:LEU:HD22	0.53	1.81	16	1
1:A:224:GLU:C	1:A:225:LYS:HG2	0.53	2.24	15	3
1:A:154:VAL:O	1:A:178:PHE:HB3	0.53	2.04	10	4
1:A:187:ILE:HG23	1:A:197:VAL:O	0.53	2.03	10	2
1:A:207:ASP:CA	1:A:213:VAL:CG1	0.53	2.87	10	1
1:A:27:THR:HG21	1:A:59:ALA:HB1	0.53	1.81	10	1
1:A:207:ASP:HB2	1:A:212:ALA:O	0.53	2.04	8	3
1:A:167:ASP:CB	1:A:189:HIS:ND1	0.53	2.72	3	1
1:A:145:THR:HG22	1:A:234:GLY:H	0.53	1.63	11	1
1:A:27:THR:HB	1:A:59:ALA:HB1	0.53	1.81	7	1
1:A:174:TYR:HB3	1:A:184:HIS:O	0.53	2.04	6	1
1:A:229:SER:O	1:A:230:LEU:CG	0.53	2.57	12	4
1:A:143:GLU:CD	1:A:235:GLU:HG3	0.53	2.25	8	1
1:A:150:LEU:CD1	1:A:236:LYS:HD3	0.53	2.34	1	1
1:A:118:GLU:C	1:A:118:GLU:CD	0.52	2.67	17	1
1:A:90:VAL:HG12	1:A:91:ASP:N	0.52	2.19	2	15
1:A:73:LYS:O	1:A:74:LEU:C	0.52	2.48	8	8
1:A:112:LEU:HB2	1:A:139:ASP:OD2	0.52	2.04	10	1
1:A:188:GLU:CG	1:A:196:ASN:HB3	0.52	2.34	10	2
1:A:244:ALA:C	1:A:255:ILE:HD11	0.52	2.25	10	5
1:A:80:SER:O	1:A:104:VAL:HB	0.52	2.04	10	1
1:A:177:ASP:C	1:A:181:LYS:HB2	0.52	2.24	2	2
1:A:163:PHE:CE1	1:A:256:GLY:C	0.52	2.82	2	3
1:A:87:GLN:OE1	1:A:97:LEU:CG	0.52	2.57	2	1
1:A:246:VAL:HG21	1:A:255:ILE:HG12	0.52	1.82	14	2
1:A:42:LEU:O	1:A:66:GLY:HA2	0.52	2.04	15	2
1:A:97:LEU:HD22	1:A:121:GLN:NE2	0.52	2.19	15	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:110:SER:HB3	0.52	2.03	11	1
1:A:78:LYS:CB	1:A:106:LYS:CB	0.52	2.86	11	2
1:A:225:LYS:C	1:A:246:VAL:HG23	0.52	2.24	13	1
1:A:250:ASN:OD1	1:A:250:ASN:O	0.52	2.25	13	2
1:A:219:LEU:CD2	1:A:224:GLU:O	0.52	2.57	12	1
1:A:150:LEU:N	1:A:151:PRO:CD	0.52	2.73	6	13
1:A:26:LEU:O	1:A:61:LYS:HD2	0.52	2.05	15	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:103:GLN:CD	1:A:103:GLN:C	0.52	2.68	17	1
1:A:103:GLN:O	1:A:114:ALA:N	0.52	2.42	12	15
1:A:188:GLU:HB3	1:A:196:ASN:OD1	0.52	2.04	10	1
1:A:204:ILE:HB	1:A:213:VAL:CB	0.52	2.35	1	4
1:A:207:ASP:CA	1:A:213:VAL:CG2	0.52	2.84	1	6
1:A:174:TYR:HH	1:A:228:TYR:HE2	0.52	1.39	12	2
1:A:117:THR:CB	1:A:134:ARG:O	0.52	2.57	3	2
1:A:147:PHE:HD1	1:A:150:LEU:HD11	0.52	1.54	2	1
1:A:176:ILE:CG2	1:A:203:TYR:CE1	0.52	2.86	16	2
1:A:158:TYR:CE1	1:A:261:GLN:O	0.52	2.62	12	2
1:A:178:PHE:CZ	1:A:181:LYS:HG3	0.52	2.39	11	1
1:A:149:LYS:HB2	1:A:235:GLU:HB2	0.52	1.82	13	1
1:A:149:LYS:CE	1:A:235:GLU:HA	0.52	2.35	7	1
1:A:201:VAL:HG12	1:A:215:SER:O	0.52	2.01	6	1
1:A:225:LYS:O	1:A:247:GLU:HB3	0.52	2.04	9	1
1:A:76:ASN:CB	1:A:108:SER:HA	0.52	2.34	17	2
1:A:118:GLU:OE2	1:A:119:GLN:HB2	0.52	2.05	17	2
1:A:224:GLU:C	1:A:225:LYS:HG3	0.52	2.24	14	5
1:A:156:ALA:O	1:A:175:THR:HA	0.52	2.05	3	1
1:A:107:GLN:NE2	1:A:108:SER:HB2	0.52	2.19	2	1
1:A:140:ILE:C	1:A:140:ILE:CD1	0.52	2.77	13	5
1:A:75:LYS:O	1:A:78:LYS:CG	0.52	2.58	11	1
1:A:93:GLN:O	1:A:94:LEU:O	0.52	2.26	11	1
1:A:158:TYR:CE1	1:A:176:ILE:HD11	0.52	2.40	13	2
1:A:148:ASP:HA	1:A:205:LYS:CD	0.52	2.33	4	1
1:A:170:GLY:N	1:A:189:HIS:CE1	0.52	2.77	9	1
1:A:42:LEU:CD1	1:A:68:SER:HA	0.52	2.34	9	1
1:A:112:LEU:CB	1:A:140:ILE:O	0.52	2.58	1	1
1:A:214:ILE:HG13	1:A:232:ILE:HD11	0.52	1.81	1	1
1:A:113:THR:C	1:A:138:GLY:O	0.52	2.48	16	1
1:A:167:ASP:CG	1:A:189:HIS:HB3	0.52	2.24	17	1
1:A:158:TYR:N	1:A:174:TYR:O	0.52	2.43	17	6
1:A:150:LEU:C	1:A:152:LYS:HD3	0.52	2.25	2	2
1:A:256:GLY:C	1:A:257:LEU:HG	0.52	2.25	10	6
1:A:42:LEU:HB2	1:A:67:ASP:O	0.52	2.05	1	2
1:A:149:LYS:O	1:A:235:GLU:O	0.52	2.26	2	1
1:A:97:LEU:O	1:A:121:GLN:HB3	0.52	2.05	6	2
1:A:230:LEU:HD21	1:A:257:LEU:HB3	0.52	1.80	15	1
1:A:89:GLU:HG2	1:A:95:ILE:HG13	0.52	1.80	15	4
1:A:120:GLU:OE2	1:A:132:LYS:HB2	0.52	2.05	11	1
1:A:187:ILE:O	1:A:187:ILE:HG13	0.52	2.04	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:197:VAL:HG22	1:A:220:TYR:CA	0.52	2.34	7	1
1:A:208:GLU:HB2	1:A:211:HIS:CE1	0.52	2.38	7	1
1:A:85:ILE:HG13	1:A:99:SER:HA	0.52	1.82	12	1
1:A:158:TYR:CZ	1:A:235:GLU:HA	0.52	2.39	9	1
1:A:159:ARG:HB2	1:A:173:THR:HG23	0.52	1.80	1	1
1:A:223:ASP:O	1:A:225:LYS:HD2	0.52	2.05	3	3
1:A:224:GLU:C	1:A:225:LYS:CD	0.52	2.78	12	2
1:A:120:GLU:C	1:A:121:GLN:HG3	0.52	2.25	1	2
1:A:40:LEU:O	1:A:69:LEU:HB2	0.52	2.04	15	1
1:A:145:THR:CG2	1:A:238:GLN:OE1	0.52	2.57	11	1
1:A:171:LYS:HB2	1:A:188:GLU:HB2	0.52	1.82	11	1
1:A:158:TYR:OH	1:A:235:GLU:HG3	0.52	2.05	11	1
1:A:90:VAL:CG1	1:A:93:GLN:HB3	0.52	2.34	11	1
1:A:145:THR:HB	1:A:235:GLU:CG	0.52	2.34	13	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:239:GLU:OE1	0.52	2.28	13	2
1:A:111:ALA:C	1:A:140:ILE:O	0.52	2.48	13	1
1:A:25:ALA:CB	1:A:70:ASN:O	0.52	2.58	5	1
1:A:176:ILE:HG13	1:A:183:GLY:HA2	0.52	1.80	6	1
1:A:197:VAL:HG13	1:A:220:TYR:HA	0.52	1.80	6	1
1:A:86:ARG:HB2	1:A:98:GLU:CG	0.52	2.34	1	1
1:A:49:ASN:HA	1:A:88:ILE:HG13	0.52	1.81	16	1
1:A:144:HIS:CE1	1:A:235:GLU:CB	0.52	2.92	17	1
1:A:218:VAL:HG23	1:A:227:SER:CA	0.52	2.35	17	1
1:A:26:LEU:O	1:A:61:LYS:CG	0.52	2.58	17	1
1:A:143:GLU:CD	1:A:233:PHE:CD1	0.52	2.83	2	1
1:A:46:ILE:O	1:A:65:ASN:OD1	0.52	2.28	15	1
1:A:55:SER:O	1:A:82:PHE:CB	0.52	2.57	15	3
1:A:78:LYS:HB3	1:A:106:LYS:HB2	0.52	1.82	11	1
1:A:75:LYS:O	1:A:78:LYS:HD2	0.52	2.02	11	1
1:A:145:THR:OG1	1:A:211:HIS:CB	0.52	2.58	9	2
1:A:115:LEU:HD12	1:A:136:ARG:CB	0.52	2.34	13	1
1:A:230:LEU:HG	1:A:241:ALA:O	0.52	2.04	13	1
1:A:79:VAL:CG1	1:A:161:THR:CG2	0.52	2.82	13	1
1:A:158:TYR:HA	1:A:261:GLN:O	0.52	2.05	16	4
1:A:186:LYS:CE	1:A:188:GLU:OE1	0.52	2.58	7	1
1:A:207:ASP:HB2	1:A:211:HIS:C	0.52	2.24	12	3
1:A:150:LEU:HD11	1:A:236:LYS:CG	0.52	2.35	1	1
1:A:74:LEU:HD22	1:A:106:LYS:HB2	0.52	1.81	1	1
1:A:197:VAL:HG12	1:A:220:TYR:CD1	0.52	2.39	16	1
1:A:87:GLN:HG2	1:A:97:LEU:HA	0.52	1.82	12	7
1:A:47:SER:HA	1:A:65:ASN:CG	0.52	2.25	2	13

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:104:VAL:CG2	1:A:113:THR:HB	0.52	2.32	10	1
1:A:183:GLY:O	1:A:201:VAL:CG1	0.52	2.58	10	3
1:A:167:ASP:CG	1:A:189:HIS:ND1	0.52	2.63	3	1
1:A:155:MET:HA	1:A:176:ILE:C	0.52	2.25	3	1
1:A:149:LYS:HB2	1:A:235:GLU:CB	0.52	2.35	13	1
1:A:170:GLY:C	1:A:189:HIS:HB2	0.52	2.25	7	1
1:A:252:ILE:HD12	1:A:252:ILE:N	0.52	2.20	6	1
1:A:144:HIS:O	1:A:235:GLU:HB2	0.52	2.04	14	1
1:A:107:GLN:HB3	1:A:239:GLU:CD	0.52	2.25	14	3
1:A:221:ASN:HB2	1:A:224:GLU:OE1	0.52	2.04	12	1
1:A:158:TYR:HB3	1:A:174:TYR:HB2	0.52	1.82	9	1
1:A:177:ASP:CB	1:A:181:LYS:HB2	0.52	2.35	8	1
1:A:150:LEU:CD2	1:A:235:GLU:HG3	0.52	2.33	1	1
1:A:74:LEU:CD2	1:A:78:LYS:CB	0.52	2.88	1	1
1:A:120:GLU:OE1	1:A:132:LYS:HG3	0.52	2.05	10	1
1:A:144:HIS:CD2	1:A:144:HIS:H	0.52	2.23	10	3
1:A:177:ASP:HB3	1:A:181:LYS:HG2	0.52	1.79	10	2
1:A:96:THR:HG22	1:A:97:LEU:N	0.52	2.20	16	5
1:A:204:ILE:CG2	1:A:213:VAL:CG2	0.52	2.88	3	2
1:A:52:LEU:O	1:A:63:TYR:HB2	0.52	2.05	15	2
1:A:121:GLN:N	1:A:130:VAL:HG23	0.52	2.20	2	4
1:A:234:GLY:CA	1:A:237:ALA:O	0.52	2.58	2	3
1:A:78:LYS:HB2	1:A:106:LYS:HB3	0.52	1.82	11	2
1:A:174:TYR:CE2	1:A:214:ILE:HG21	0.52	2.40	13	1
1:A:204:ILE:CB	1:A:213:VAL:HB	0.52	2.35	1	2
1:A:84:PHE:CE1	1:A:86:ARG:CG	0.52	2.92	5	1
1:A:29:PRO:HB3	1:A:70:ASN:ND2	0.52	2.20	7	1
1:A:26:LEU:HA	1:A:61:LYS:HB2	0.52	1.81	6	1
1:A:52:LEU:CD1	1:A:84:PHE:HB2	0.52	2.35	6	2
1:A:29:PRO:HA	1:A:70:ASN:ND2	0.52	2.19	14	2
1:A:120:GLU:CD	1:A:130:VAL:HB	0.52	2.25	16	1
1:A:112:LEU:HB2	1:A:139:ASP:OD1	0.52	2.05	15	2
1:A:77:ASP:HB3	1:A:260:LYS:CB	0.52	2.34	9	2
1:A:197:VAL:HA	1:A:220:TYR:CB	0.52	2.35	8	4
1:A:117:THR:C	1:A:118:GLU:HG2	0.52	2.26	2	3
1:A:90:VAL:CG1	1:A:93:GLN:HG3	0.52	2.35	1	10
1:A:162:ALA:N	1:A:172:LEU:CD2	0.52	2.69	15	1
1:A:137:ILE:HG13	1:A:139:ASP:OD1	0.52	2.05	6	3
1:A:180:ALA:O	1:A:181:LYS:HG2	0.52	2.04	11	2
1:A:158:TYR:CZ	1:A:176:ILE:HD11	0.52	2.40	13	1
1:A:159:ARG:HG2	1:A:159:ARG:O	0.52	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:181:LYS:CD	1:A:204:ILE:HD13	0.52	2.32	5	1
1:A:143:GLU:HA	1:A:233:PHE:HB3	0.52	1.80	6	3
1:A:31:ASP:HA	1:A:34:ASP:OD1	0.52	2.05	7	1
1:A:218:VAL:CG1	1:A:226:GLY:O	0.52	2.57	12	1
1:A:199:LEU:CD1	1:A:228:TYR:CE2	0.52	2.93	9	1
1:A:178:PHE:CE1	1:A:235:GLU:OE1	0.52	2.63	9	1
1:A:88:ILE:HG21	1:A:94:LEU:CD2	0.52	2.29	1	1
1:A:27:THR:HG1	1:A:59:ALA:HB3	0.52	1.65	15	3
1:A:198:ASP:C	1:A:218:VAL:HG23	0.52	2.25	3	2
1:A:39:SER:O	1:A:40:LEU:HG	0.52	2.05	2	1
1:A:110:SER:CB	1:A:142:GLY:H	0.52	2.18	15	1
1:A:190:LEU:HD13	1:A:195:LEU:HB2	0.52	1.81	15	2
1:A:78:LYS:HE3	1:A:106:LYS:HD3	0.52	1.80	11	1
1:A:141:ALA:HB2	1:A:233:PHE:CE2	0.52	2.39	13	1
1:A:174:TYR:N	1:A:174:TYR:CD1	0.52	2.77	5	1
1:A:143:GLU:CA	1:A:233:PHE:HB3	0.52	2.35	6	3
1:A:186:LYS:HB3	1:A:198:ASP:HA	0.52	1.82	6	1
1:A:177:ASP:CB	1:A:182:GLN:CG	0.52	2.88	12	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:260:LYS:CA	0.52	2.58	8	1
1:A:158:TYR:HB2	1:A:174:TYR:O	0.51	2.04	17	3
1:A:88:ILE:HD12	1:A:94:LEU:CD1	0.51	2.35	14	3
1:A:159:ARG:O	1:A:159:ARG:CG	0.51	2.58	15	2
1:A:74:LEU:HD11	1:A:106:LYS:HB2	0.51	1.79	10	2
1:A:153:ASP:HA	1:A:178:PHE:CD1	0.51	2.40	10	1
1:A:196:ASN:O	1:A:220:TYR:CB	0.51	2.58	3	2
1:A:222:GLN:O	1:A:222:GLN:HG3	0.51	2.05	2	1
1:A:30:LEU:CD1	1:A:38:LYS:HG3	0.51	2.35	15	1
1:A:31:ASP:O	1:A:34:ASP:OD2	0.51	2.27	14	2
1:A:156:ALA:HB1	1:A:235:GLU:HG3	0.51	1.80	11	1
1:A:189:HIS:HB2	1:A:190:LEU:HD23	0.51	1.81	8	2
1:A:120:GLU:HG3	1:A:132:LYS:HD2	0.51	1.82	13	1
1:A:230:LEU:HD11	1:A:242:GLY:CA	0.51	2.35	7	2
1:A:151:PRO:C	1:A:178:PHE:HB3	0.51	2.26	9	2
1:A:42:LEU:HB3	1:A:45:SER:HB3	0.51	1.82	5	2
1:A:202:ALA:HB3	1:A:215:SER:O	0.51	2.06	16	1
1:A:157:THR:O	1:A:261:GLN:C	0.51	2.49	16	1
1:A:218:VAL:O	1:A:219:LEU:CD1	0.51	2.58	10	3
1:A:85:ILE:CA	1:A:98:GLU:O	0.51	2.57	3	1
1:A:120:GLU:HB3	1:A:130:VAL:CB	0.51	2.35	2	2
1:A:111:ALA:C	1:A:140:ILE:CG2	0.51	2.79	2	1
1:A:187:ILE:C	1:A:187:ILE:HD12	0.51	2.25	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:223:ASP:O	1:A:224:GLU:C	0.51	2.48	2	1
1:A:143:GLU:O	1:A:145:THR:OG1	0.51	2.27	12	2
1:A:232:ILE:CD1	1:A:240:VAL:HG23	0.51	2.29	13	1
1:A:246:VAL:HG12	1:A:253:HIS:HE2	0.51	1.63	5	1
1:A:208:GLU:H	1:A:211:HIS:CE1	0.51	2.23	7	1
1:A:46:ILE:CG1	1:A:67:ASP:OD1	0.51	2.58	14	2
1:A:111:ALA:HB3	1:A:139:ASP:OD2	0.51	2.04	1	1
1:A:112:LEU:CA	1:A:140:ILE:O	0.51	2.58	1	1
1:A:249:ALA:C	1:A:250:ASN:CG	0.51	2.69	16	1
1:A:224:GLU:C	1:A:225:LYS:CG	0.51	2.78	13	6
1:A:115:LEU:HD12	1:A:136:ARG:NH1	0.51	2.21	17	1
1:A:199:LEU:CD1	1:A:228:TYR:CD2	0.51	2.92	10	1
1:A:79:VAL:HG21	1:A:81:ARG:CD	0.51	2.35	10	1
1:A:143:GLU:HB2	1:A:235:GLU:CG	0.51	2.35	8	2
1:A:39:SER:C	1:A:40:LEU:HG	0.51	2.25	2	3
1:A:220:TYR:CB	1:A:223:ASP:HB2	0.51	2.36	2	2
1:A:22:LEU:HD22	1:A:81:ARG:NH2	0.51	2.20	2	1
1:A:25:ALA:CB	1:A:74:LEU:HD11	0.51	2.35	2	1
1:A:52:LEU:HA	1:A:85:ILE:O	0.51	2.05	2	4
1:A:174:TYR:OH	1:A:201:VAL:CB	0.51	2.57	15	1
1:A:112:LEU:H	1:A:112:LEU:HD23	0.51	1.58	1	2
1:A:52:LEU:N	1:A:52:LEU:CD2	0.51	2.74	4	1
1:A:216:GLY:C	1:A:228:TYR:HB3	0.51	2.26	14	1
1:A:71:THR:HG21	1:A:106:LYS:HD2	0.51	1.80	9	1
1:A:105:TYR:HB3	1:A:112:LEU:HD21	0.51	1.82	1	1
1:A:105:TYR:CZ	1:A:260:LYS:HE2	0.51	2.40	12	2
1:A:47:SER:HA	1:A:65:ASN:CB	0.51	2.36	7	8
1:A:238:GLN:O	1:A:261:GLN:HA	0.51	2.05	13	4
1:A:158:TYR:CZ	1:A:240:VAL:HB	0.51	2.40	9	2
1:A:164:GLY:HA2	1:A:255:ILE:HG23	0.51	1.80	14	2
1:A:189:HIS:N	1:A:195:LEU:O	0.51	2.43	11	1
1:A:85:ILE:HG12	1:A:87:GLN:CD	0.51	2.26	13	2
1:A:106:LYS:HG3	1:A:111:ALA:CB	0.51	2.35	13	1
1:A:24:ASP:HA	1:A:28:ALA:O	0.51	2.05	13	2
1:A:81:ARG:HB3	1:A:103:GLN:NE2	0.51	2.20	6	1
1:A:190:LEU:HB3	1:A:195:LEU:HA	0.51	1.83	14	1
1:A:77:ASP:HB3	1:A:260:LYS:HB3	0.51	1.83	14	1
1:A:145:THR:HA	1:A:149:LYS:NZ	0.51	2.20	9	1
1:A:239:GLU:OE2	1:A:260:LYS:HB2	0.51	2.05	16	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:142:GLY:HA3	0.51	2.05	10	1
1:A:203:TYR:OH	1:A:232:ILE:CG1	0.51	2.59	10	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:LEU:CD2	1:A:63:TYR:CE2	0.51	2.93	2	2
1:A:157:THR:O	1:A:157:THR:CG2	0.51	2.59	3	1
1:A:230:LEU:N	1:A:230:LEU:CD1	0.51	2.74	15	1
1:A:203:TYR:CE2	1:A:214:ILE:CG1	0.51	2.94	11	1
1:A:93:GLN:CG	1:A:94:LEU:H	0.51	2.18	11	1
1:A:232:ILE:HG13	1:A:239:GLU:O	0.51	2.05	13	1
1:A:52:LEU:CG	1:A:63:TYR:O	0.51	2.58	13	1
1:A:196:ASN:C	1:A:197:VAL:HG13	0.51	2.26	5	1
1:A:186:LYS:HB2	1:A:197:VAL:O	0.51	2.06	6	1
1:A:25:ALA:HA	1:A:70:ASN:CB	0.51	2.35	6	1
1:A:187:ILE:CG2	1:A:197:VAL:N	0.51	2.73	14	1
1:A:181:LYS:HD3	1:A:203:TYR:O	0.51	2.05	14	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:260:LYS:HA	0.51	2.06	8	1
1:A:154:VAL:HG11	1:A:236:LYS:CB	0.51	2.36	1	1
1:A:146:SER:C	1:A:148:ASP:N	0.51	2.64	17	13
1:A:129:MET:HG2	1:A:130:VAL:N	0.51	2.19	17	1
1:A:88:ILE:O	1:A:95:ILE:N	0.51	2.44	6	10
1:A:182:GLN:CG	1:A:184:HIS:CE1	0.51	2.94	10	1
1:A:39:SER:HA	1:A:70:ASN:HA	0.51	1.82	4	6
1:A:44:ASP:HB3	1:A:65:ASN:ND2	0.51	2.21	15	1
1:A:214:ILE:HD11	1:A:232:ILE:CG2	0.51	2.36	11	1
1:A:179:ALA:CB	1:A:205:LYS:HE2	0.51	2.36	4	1
1:A:146:SER:OG	1:A:210:HIS:ND1	0.51	2.42	4	1
1:A:203:TYR:CE1	1:A:214:ILE:HG13	0.51	2.41	8	2
1:A:197:VAL:CG1	1:A:218:VAL:CG1	0.51	2.82	7	2
1:A:150:LEU:CB	1:A:151:PRO:HD3	0.51	2.36	6	3
1:A:166:ASP:CB	1:A:253:HIS:CG	0.51	2.93	6	1
1:A:246:VAL:HB	1:A:253:HIS:O	0.51	2.05	6	1
1:A:186:LYS:HB3	1:A:197:VAL:O	0.51	2.05	12	1
1:A:143:GLU:CB	1:A:235:GLU:OE1	0.51	2.58	12	1
1:A:208:GLU:HA	1:A:208:GLU:OE1	0.51	2.06	16	1
1:A:143:GLU:HB3	1:A:144:HIS:CD2	0.51	2.40	17	1
1:A:203:TYR:CD1	1:A:203:TYR:C	0.51	2.84	17	2
1:A:120:GLU:OE2	1:A:132:LYS:HG3	0.51	2.05	2	1
1:A:203:TYR:CE1	1:A:214:ILE:CD1	0.51	2.93	2	1
1:A:188:GLU:CB	1:A:196:ASN:OD1	0.51	2.59	15	2
1:A:232:ILE:HG12	1:A:240:VAL:CB	0.51	2.36	15	2
1:A:195:LEU:HA	1:A:220:TYR:OH	0.51	2.05	7	2
1:A:47:SER:HA	1:A:65:ASN:OD1	0.51	2.06	15	1
1:A:227:SER:HB2	1:A:245:GLU:HB3	0.51	1.82	14	2
1:A:176:ILE:HG12	1:A:201:VAL:HB	0.51	1.82	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:182:GLN:C	1:A:203:TYR:HB2	0.51	2.26	6	1
1:A:225:LYS:O	1:A:247:GLU:HB2	0.51	2.06	6	2
1:A:75:LYS:O	1:A:75:LYS:HD3	0.51	2.05	9	1
1:A:135:PHE:CE2	1:A:165:SER:CB	0.51	2.94	8	1
1:A:183:GLY:C	1:A:201:VAL:HB	0.51	2.26	1	1
1:A:147:PHE:CB	1:A:212:ALA:CB	0.51	2.87	16	1
1:A:211:HIS:CD2	1:A:211:HIS:N	0.51	2.78	6	3
1:A:110:SER:CB	1:A:140:ILE:O	0.51	2.59	10	1
1:A:170:GLY:HA2	1:A:189:HIS:C	0.51	2.26	10	1
1:A:88:ILE:HD12	1:A:94:LEU:HD13	0.51	1.82	10	1
1:A:151:PRO:C	1:A:152:LYS:HG3	0.51	2.25	15	6
1:A:97:LEU:HB2	1:A:121:GLN:CD	0.51	2.27	8	7
1:A:230:LEU:HG	1:A:242:GLY:HA3	0.51	1.83	4	6
1:A:163:PHE:CE2	1:A:168:ALA:C	0.51	2.85	10	1
1:A:105:TYR:OH	1:A:160:GLY:HA2	0.51	2.05	15	2
1:A:174:TYR:CD1	1:A:176:ILE:CD1	0.51	2.94	15	1
1:A:143:GLU:HB2	1:A:235:GLU:CD	0.51	2.26	12	3
1:A:107:GLN:OE1	1:A:143:GLU:HB2	0.51	2.05	11	1
1:A:89:GLU:CG	1:A:95:ILE:HD13	0.51	2.35	5	1
1:A:235:GLU:OE1	1:A:236:LYS:HE2	0.51	2.06	7	1
1:A:181:LYS:HA	1:A:203:TYR:O	0.51	2.05	16	3
1:A:32:HIS:O	1:A:32:HIS:CD2	0.51	2.64	7	1
1:A:148:ASP:HB2	1:A:205:LYS:HB3	0.51	1.83	6	1
1:A:168:ALA:O	1:A:190:LEU:HB3	0.51	2.06	6	1
1:A:74:LEU:HD13	1:A:106:LYS:HB2	0.51	1.82	6	1
1:A:170:GLY:H	1:A:189:HIS:CE1	0.51	2.24	9	1
1:A:86:ARG:HH12	1:A:115:LEU:HD13	0.51	1.65	9	1
1:A:204:ILE:HD12	1:A:213:VAL:CB	0.51	2.36	8	1
1:A:204:ILE:HB	1:A:213:VAL:HB	0.51	1.81	1	8
1:A:246:VAL:CG1	1:A:246:VAL:O	0.51	2.57	1	3
1:A:232:ILE:HG13	1:A:233:PHE:N	0.51	2.20	3	5
1:A:116:GLN:OE1	1:A:168:ALA:HA	0.51	2.06	2	1
1:A:141:ALA:CB	1:A:144:HIS:CG	0.51	2.92	15	2
1:A:140:ILE:HD12	1:A:141:ALA:H	0.51	1.57	11	1
1:A:201:VAL:CG2	1:A:216:GLY:HA3	0.51	2.33	14	2
1:A:233:PHE:HZ	1:A:241:ALA:HB3	0.51	1.66	13	1
1:A:260:LYS:HE2	1:A:261:GLN:O	0.51	2.05	13	1
1:A:230:LEU:HD12	1:A:242:GLY:C	0.51	2.27	7	2
1:A:151:PRO:O	1:A:178:PHE:HB3	0.51	2.05	5	2
1:A:168:ALA:CB	1:A:195:LEU:HB2	0.51	2.35	6	1
1:A:153:ASP:CG	1:A:153:ASP:O	0.51	2.49	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:169:GLY:CA	1:A:189:HIS:NE2	0.51	2.74	9	1
1:A:154:VAL:HG23	1:A:178:PHE:CD2	0.51	2.41	8	1
1:A:207:ASP:N	1:A:213:VAL:HG22	0.51	2.21	1	1
1:A:212:ALA:C	1:A:232:ILE:HG23	0.51	2.25	2	12
1:A:230:LEU:CD2	1:A:257:LEU:CD1	0.51	2.81	11	3
1:A:21:GLY:O	1:A:24:ASP:HB2	0.51	2.06	10	4
1:A:86:ARG:NH1	1:A:98:GLU:HB2	0.51	2.21	10	1
1:A:88:ILE:CD1	1:A:95:ILE:HG21	0.51	2.30	3	1
1:A:152:LYS:O	1:A:153:ASP:C	0.51	2.49	15	2
1:A:239:GLU:HA	1:A:260:LYS:HA	0.51	1.82	2	9
1:A:49:ASN:ND2	1:A:49:ASN:O	0.51	2.44	2	3
1:A:50:GLY:N	1:A:88:ILE:HG23	0.51	2.21	13	4
1:A:228:TYR:OH	1:A:257:LEU:HD21	0.51	2.06	15	2
1:A:115:LEU:CG	1:A:136:ARG:HB3	0.51	2.35	4	2
1:A:135:PHE:CD2	1:A:254:HIS:CE1	0.51	2.99	4	1
1:A:151:PRO:HB3	1:A:178:PHE:CZ	0.51	2.41	6	1
1:A:171:LYS:HB3	1:A:188:GLU:HB3	0.51	1.81	6	1
1:A:187:ILE:HG21	1:A:197:VAL:HG23	0.51	1.82	14	1
1:A:145:THR:HG23	1:A:211:HIS:HA	0.51	1.81	14	1
1:A:110:SER:OG	1:A:239:GLU:CD	0.51	2.50	8	1
1:A:113:THR:HB	1:A:139:ASP:N	0.51	2.20	1	1
1:A:151:PRO:HB2	1:A:178:PHE:HB3	0.51	1.82	16	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:115:LEU:HD23	0.50	2.40	10	3
1:A:178:PHE:HB3	1:A:181:LYS:HD2	0.50	1.82	2	1
1:A:238:GLN:OE1	1:A:238:GLN:HA	0.50	2.05	4	1
1:A:181:LYS:O	1:A:202:ALA:HB1	0.50	2.07	5	1
1:A:147:PHE:CZ	1:A:232:ILE:CD1	0.50	2.94	5	2
1:A:119:GLN:C	1:A:120:GLU:HG2	0.50	2.25	5	1
1:A:77:ASP:OD2	1:A:261:GLN:NE2	0.50	2.44	7	1
1:A:113:THR:O	1:A:139:ASP:N	0.50	2.44	6	1
1:A:49:ASN:ND2	1:A:49:ASN:N	0.50	2.59	1	1
1:A:30:LEU:HD11	1:A:38:LYS:HB2	0.50	1.83	17	1
1:A:144:HIS:HB3	1:A:233:PHE:CB	0.50	2.36	10	1
1:A:148:ASP:CA	1:A:205:LYS:HG2	0.50	2.36	10	1
1:A:202:ALA:C	1:A:214:ILE:HD13	0.50	2.26	3	1
1:A:220:TYR:C	1:A:222:GLN:N	0.50	2.64	2	2
1:A:199:LEU:HB2	1:A:218:VAL:CG2	0.50	2.29	16	2
1:A:132:LYS:O	1:A:133:ARG:HG3	0.50	2.07	15	1
1:A:223:ASP:C	1:A:224:GLU:CG	0.50	2.79	4	1
1:A:162:ALA:HB2	1:A:257:LEU:HD23	0.50	1.80	5	3
1:A:32:HIS:O	1:A:33:LYS:HG2	0.50	2.06	1	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:197:VAL:HG22	1:A:220:TYR:CD1	0.50	2.41	7	2
1:A:145:THR:OG1	1:A:234:GLY:N	0.50	2.44	14	1
1:A:153:ASP:CG	1:A:181:LYS:HD3	0.50	2.26	9	1
1:A:233:PHE:O	1:A:239:GLU:HG3	0.50	2.06	8	1
1:A:41:THR:HG22	1:A:43:GLU:HG3	0.50	1.82	1	1
1:A:76:ASN:HB3	1:A:107:GLN:O	0.50	2.06	16	1
1:A:171:LYS:O	1:A:188:GLU:HB2	0.50	2.06	4	2
1:A:112:LEU:HA	1:A:139:ASP:HA	0.50	1.83	14	9
1:A:197:VAL:CG1	1:A:220:TYR:N	0.50	2.74	14	4
1:A:115:LEU:HB2	1:A:136:ARG:HB3	0.50	1.83	13	7
1:A:144:HIS:O	1:A:210:HIS:NE2	0.50	2.44	3	1
1:A:145:THR:CG2	1:A:234:GLY:C	0.50	2.70	3	1
1:A:203:TYR:OH	1:A:214:ILE:HD11	0.50	2.07	2	1
1:A:31:ASP:CG	1:A:33:LYS:HE2	0.50	2.27	2	2
1:A:35:LYS:HG3	1:A:35:LYS:O	0.50	2.05	2	1
1:A:38:LYS:HA	1:A:72:GLY:HA3	0.50	1.81	15	1
1:A:159:ARG:N	1:A:159:ARG:HD2	0.50	2.21	11	1
1:A:137:ILE:HG12	1:A:139:ASP:OD2	0.50	2.05	7	2
1:A:190:LEU:N	1:A:190:LEU:CD2	0.50	2.74	9	3
1:A:135:PHE:CD1	1:A:135:PHE:N	0.50	2.79	7	2
1:A:144:HIS:CB	1:A:210:HIS:ND1	0.50	2.74	7	1
1:A:147:PHE:CE2	1:A:232:ILE:HG12	0.50	2.40	16	1
1:A:54:LEU:O	1:A:54:LEU:CG	0.50	2.59	1	7
1:A:105:TYR:HB2	1:A:112:LEU:HG	0.50	1.82	6	4
1:A:81:ARG:O	1:A:81:ARG:HD3	0.50	2.07	5	4
1:A:186:LYS:HG3	1:A:186:LYS:O	0.50	2.06	3	1
1:A:50:GLY:HA2	1:A:88:ILE:HG12	0.50	1.84	7	9
1:A:185:GLY:C	1:A:199:LEU:CB	0.50	2.79	9	2
1:A:93:GLN:OE1	1:A:94:LEU:CG	0.50	2.59	11	1
1:A:30:LEU:HD21	1:A:71:THR:HG22	0.50	1.82	13	1
1:A:81:ARG:HG2	1:A:81:ARG:O	0.50	2.07	13	2
1:A:151:PRO:CB	1:A:179:ALA:CB	0.50	2.89	4	2
1:A:227:SER:HB3	1:A:245:GLU:HB2	0.50	1.84	14	2
1:A:166:ASP:OD1	1:A:253:HIS:HB3	0.50	2.07	5	1
1:A:158:TYR:OH	1:A:232:ILE:CD1	0.50	2.59	16	2
1:A:31:ASP:O	1:A:32:HIS:CD2	0.50	2.65	6	1
1:A:85:ILE:CG2	1:A:99:SER:OG	0.50	2.54	6	1
1:A:159:ARG:HA	1:A:172:LEU:O	0.50	2.06	14	1
1:A:189:HIS:ND1	1:A:190:LEU:N	0.50	2.59	12	1
1:A:116:GLN:NE2	1:A:135:PHE:CZ	0.50	2.80	12	1
1:A:116:GLN:NE2	1:A:168:ALA:HB2	0.50	2.21	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:112:LEU:HA	1:A:140:ILE:O	0.50	2.06	1	1
1:A:107:GLN:HE22	1:A:112:LEU:HD21	0.50	1.66	16	1
1:A:76:ASN:CA	1:A:107:GLN:O	0.50	2.59	13	2
1:A:201:VAL:HA	1:A:216:GLY:HA3	0.50	1.84	14	7
1:A:120:GLU:CD	1:A:132:LYS:HG3	0.50	2.26	2	1
1:A:217:SER:HB3	1:A:219:LEU:CD1	0.50	2.37	2	1
1:A:174:TYR:CE1	1:A:176:ILE:HD11	0.50	2.41	15	1
1:A:208:GLU:C	1:A:209:LYS:HG3	0.50	2.26	15	3
1:A:147:PHE:CE2	1:A:178:PHE:HD1	0.50	2.25	12	2
1:A:29:PRO:HA	1:A:70:ASN:OD1	0.50	2.07	11	2
1:A:157:THR:CG2	1:A:174:TYR:O	0.50	2.56	11	1
1:A:156:ALA:CB	1:A:235:GLU:CG	0.50	2.89	11	1
1:A:106:LYS:HA	1:A:111:ALA:CB	0.50	2.36	13	1
1:A:141:ALA:HB2	1:A:233:PHE:CZ	0.50	2.41	4	1
1:A:96:THR:HG23	1:A:97:LEU:N	0.50	2.21	1	2
1:A:159:ARG:HB3	1:A:159:ARG:CZ	0.50	2.37	4	1
1:A:77:ASP:C	1:A:105:TYR:CE1	0.50	2.85	9	2
1:A:98:GLU:CG	1:A:98:GLU:O	0.50	2.60	1	1
1:A:103:GLN:OE1	1:A:163:PHE:CE1	0.50	2.64	16	1
1:A:133:ARG:HB3	1:A:135:PHE:CZ	0.50	2.41	7	2
1:A:144:HIS:HB3	1:A:233:PHE:HB3	0.50	1.84	10	1
1:A:201:VAL:CG1	1:A:202:ALA:N	0.50	2.74	12	5
1:A:107:GLN:HG2	1:A:140:ILE:HD11	0.50	1.81	3	1
1:A:155:MET:HA	1:A:177:ASP:HA	0.50	1.81	8	4
1:A:228:TYR:CZ	1:A:257:LEU:CD2	0.50	2.94	15	1
1:A:158:TYR:CE1	1:A:235:GLU:CB	0.50	2.95	11	1
1:A:163:PHE:CG	1:A:163:PHE:O	0.50	2.61	11	2
1:A:212:ALA:O	1:A:232:ILE:HG23	0.50	2.07	11	3
1:A:233:PHE:CZ	1:A:241:ALA:HB3	0.50	2.41	13	1
1:A:63:TYR:OH	1:A:84:PHE:CD2	0.50	2.63	4	1
1:A:41:THR:OG1	1:A:68:SER:HB3	0.50	2.06	5	2
1:A:98:GLU:CG	1:A:120:GLU:HG2	0.50	2.37	7	1
1:A:120:GLU:HG2	1:A:130:VAL:HB	0.50	1.83	14	1
1:A:86:ARG:O	1:A:86:ARG:CG	0.50	2.59	14	1
1:A:200:ALA:O	1:A:201:VAL:HG22	0.50	2.06	1	1
1:A:88:ILE:CG2	1:A:96:THR:HB	0.50	2.35	16	1
1:A:108:SER:HB3	1:A:235:GLU:CD	0.50	2.27	17	1
1:A:153:ASP:OD2	1:A:180:ALA:HA	0.50	2.06	12	2
1:A:86:ARG:O	1:A:87:GLN:HG3	0.50	2.07	17	1
1:A:188:GLU:HG3	1:A:196:ASN:HB3	0.50	1.84	10	1
1:A:79:VAL:CG2	1:A:81:ARG:NH2	0.50	2.75	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:176:ILE:HA	1:A:183:GLY:HA3	0.50	1.83	1	5
1:A:23:ALA:HB2	1:A:58:GLY:N	0.50	2.21	16	2
1:A:162:ALA:CA	1:A:172:LEU:HD22	0.50	2.37	15	1
1:A:198:ASP:OD1	1:A:199:LEU:N	0.50	2.45	15	1
1:A:42:LEU:HG	1:A:66:GLY:O	0.50	2.06	15	2
1:A:230:LEU:CD1	1:A:241:ALA:C	0.50	2.80	13	1
1:A:87:GLN:C	1:A:88:ILE:HG13	0.50	2.27	9	5
1:A:185:GLY:O	1:A:199:LEU:CA	0.50	2.60	6	1
1:A:144:HIS:C	1:A:211:HIS:CD2	0.50	2.85	8	2
1:A:159:ARG:HB2	1:A:173:THR:OG1	0.50	2.07	1	1
1:A:232:ILE:HB	1:A:240:VAL:HB	0.50	1.82	5	6
1:A:90:VAL:HB	1:A:93:GLN:HB2	0.50	1.84	5	16
1:A:38:LYS:O	1:A:39:SER:HB3	0.50	2.07	16	9
1:A:160:GLY:CA	1:A:259:ALA:HA	0.50	2.36	12	5
1:A:162:ALA:C	1:A:170:GLY:HA3	0.50	2.28	10	3
1:A:183:GLY:O	1:A:201:VAL:CA	0.50	2.60	12	3
1:A:154:VAL:C	1:A:177:ASP:OD1	0.50	2.50	3	1
1:A:143:GLU:HA	1:A:233:PHE:HB2	0.50	1.83	3	3
1:A:174:TYR:HA	1:A:185:GLY:HA3	0.50	1.84	2	3
1:A:145:THR:HB	1:A:211:HIS:HB3	0.50	1.83	2	1
1:A:36:GLY:O	1:A:38:LYS:HD2	0.50	2.07	2	1
1:A:86:ARG:HG2	1:A:98:GLU:O	0.50	2.06	2	2
1:A:42:LEU:HB2	1:A:67:ASP:HB2	0.50	1.82	2	2
1:A:188:GLU:OE2	1:A:196:ASN:OD1	0.50	2.30	11	1
1:A:214:ILE:HB	1:A:230:LEU:O	0.50	2.07	11	1
1:A:86:ARG:HG3	1:A:98:GLU:O	0.50	2.07	6	2
1:A:147:PHE:CZ	1:A:205:LYS:CG	0.50	2.94	13	1
1:A:142:GLY:HA3	1:A:235:GLU:OE2	0.50	2.07	5	1
1:A:232:ILE:HA	1:A:240:VAL:HB	0.50	1.83	5	2
1:A:80:SER:OG	1:A:104:VAL:O	0.50	2.29	7	2
1:A:158:TYR:CE2	1:A:238:GLN:HG2	0.50	2.41	8	1
1:A:156:ALA:O	1:A:176:ILE:HD12	0.50	2.07	1	1
1:A:156:ALA:O	1:A:176:ILE:CA	0.50	2.60	1	1
1:A:87:GLN:CG	1:A:97:LEU:HD23	0.50	2.37	10	2
1:A:74:LEU:HB2	1:A:78:LYS:HB2	0.50	1.84	9	2
1:A:176:ILE:CA	1:A:183:GLY:HA3	0.50	2.37	3	1
1:A:145:THR:CG2	1:A:234:GLY:H	0.50	2.20	7	3
1:A:54:LEU:CG	1:A:54:LEU:O	0.50	2.60	13	3
1:A:74:LEU:HD12	1:A:75:LYS:O	0.50	2.07	12	2
1:A:214:ILE:CD1	1:A:232:ILE:HG22	0.50	2.36	11	1
1:A:42:LEU:CD2	1:A:67:ASP:HB3	0.50	2.21	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:176:ILE:HD13	1:A:201:VAL:CG1	0.50	2.28	7	1
1:A:176:ILE:HD12	1:A:214:ILE:CD1	0.50	2.36	14	1
1:A:203:TYR:O	1:A:204:ILE:HG13	0.50	2.07	12	2
1:A:150:LEU:HD21	1:A:235:GLU:C	0.50	2.27	1	1
1:A:230:LEU:HG	1:A:243:SER:N	0.49	2.22	11	4
1:A:134:ARG:C	1:A:135:PHE:CG	0.49	2.86	17	1
1:A:54:LEU:CD1	1:A:82:PHE:CE2	0.49	2.92	17	1
1:A:47:SER:C	1:A:65:ASN:HB2	0.49	2.27	13	4
1:A:107:GLN:CD	1:A:110:SER:HB2	0.49	2.27	10	1
1:A:144:HIS:HA	1:A:233:PHE:HB2	0.49	1.82	15	3
1:A:50:GLY:O	1:A:51:THR:HG23	0.49	2.07	3	2
1:A:84:PHE:CE2	1:A:102:PHE:HD2	0.49	2.25	2	11
1:A:232:ILE:CG2	1:A:233:PHE:N	0.49	2.75	15	1
1:A:161:THR:N	1:A:172:LEU:HD21	0.49	2.22	14	2
1:A:230:LEU:HD23	1:A:231:GLY:N	0.49	2.21	13	1
1:A:117:THR:HG22	1:A:118:GLU:H	0.49	1.65	6	3
1:A:110:SER:HB2	1:A:141:ALA:HA	0.49	1.84	5	2
1:A:176:ILE:HG22	1:A:177:ASP:N	0.49	2.22	7	2
1:A:186:LYS:HE3	1:A:188:GLU:OE1	0.49	2.07	7	1
1:A:98:GLU:CD	1:A:120:GLU:CD	0.49	2.71	7	1
1:A:196:ASN:H	1:A:196:ASN:ND2	0.49	2.03	6	1
1:A:185:GLY:O	1:A:199:LEU:HB3	0.49	2.07	6	1
1:A:158:TYR:CD1	1:A:176:ILE:CB	0.49	2.95	14	1
1:A:142:GLY:N	1:A:233:PHE:CE2	0.49	2.80	14	1
1:A:63:TYR:OH	1:A:69:LEU:CB	0.49	2.60	14	1
1:A:146:SER:CA	1:A:211:HIS:HA	0.49	2.36	1	1
1:A:50:GLY:C	1:A:51:THR:HG23	0.49	2.28	1	1
1:A:201:VAL:HG13	1:A:215:SER:CA	0.49	2.37	17	2
1:A:207:ASP:O	1:A:208:GLU:C	0.49	2.50	17	2
1:A:190:LEU:H	1:A:190:LEU:CD2	0.49	2.20	1	4
1:A:120:GLU:HB2	1:A:130:VAL:HB	0.49	1.84	9	8
1:A:115:LEU:O	1:A:136:ARG:N	0.49	2.45	3	13
1:A:154:VAL:N	1:A:178:PHE:CD1	0.49	2.80	10	1
1:A:71:THR:O	1:A:74:LEU:HD23	0.49	2.07	10	1
1:A:75:LYS:O	1:A:106:LYS:HE2	0.49	2.07	3	1
1:A:84:PHE:HE2	1:A:102:PHE:CD2	0.49	2.24	6	9
1:A:112:LEU:H	1:A:112:LEU:CD2	0.49	2.19	13	2
1:A:154:VAL:N	1:A:178:PHE:HB2	0.49	2.22	2	1
1:A:189:HIS:N	1:A:189:HIS:ND1	0.49	2.60	13	1
1:A:39:SER:C	1:A:40:LEU:HD22	0.49	2.27	13	1
1:A:149:LYS:HE3	1:A:150:LEU:HD23	0.49	1.83	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:43:GLU:O	1:A:66:GLY:HA2	0.49	2.07	7	1
1:A:34:ASP:O	1:A:36:GLY:N	0.49	2.44	6	1
1:A:79:VAL:HG13	1:A:105:TYR:HD2	0.49	1.65	9	2
1:A:229:SER:O	1:A:230:LEU:CD1	0.49	2.60	12	2
1:A:158:TYR:CG	1:A:240:VAL:HG11	0.49	2.41	9	1
1:A:111:ALA:O	1:A:140:ILE:HA	0.49	2.07	8	1
1:A:195:LEU:HD12	1:A:195:LEU:H	0.49	1.63	15	7
1:A:144:HIS:CA	1:A:233:PHE:HB3	0.49	2.37	12	3
1:A:261:GLN:HA	1:A:261:GLN:NE2	0.49	2.22	3	1
1:A:90:VAL:O	1:A:91:ASP:C	0.49	2.50	3	1
1:A:149:LYS:HB3	1:A:235:GLU:OE2	0.49	2.07	2	1
1:A:78:LYS:O	1:A:105:TYR:CE1	0.49	2.65	13	1
1:A:187:ILE:HG22	1:A:199:LEU:HB3	0.49	1.83	5	1
1:A:214:ILE:HG22	1:A:214:ILE:O	0.49	2.05	5	2
1:A:232:ILE:CA	1:A:240:VAL:HB	0.49	2.37	5	1
1:A:176:ILE:HG13	1:A:183:GLY:HA3	0.49	1.84	7	1
1:A:155:MET:SD	1:A:175:THR:HG22	0.49	2.47	16	1
1:A:190:LEU:HD23	1:A:190:LEU:H	0.49	1.67	17	5
1:A:154:VAL:N	1:A:178:PHE:HB3	0.49	2.22	10	1
1:A:148:ASP:HB2	1:A:205:LYS:HG2	0.49	1.84	16	4
1:A:199:LEU:CD1	1:A:228:TYR:CB	0.49	2.90	1	2
1:A:139:ASP:O	1:A:140:ILE:O	0.49	2.30	3	3
1:A:172:LEU:CB	1:A:187:ILE:CB	0.49	2.89	3	1
1:A:90:VAL:HG22	1:A:95:ILE:HD11	0.49	1.84	3	1
1:A:96:THR:C	1:A:97:LEU:CG	0.49	2.80	3	1
1:A:80:SER:O	1:A:104:VAL:HG23	0.49	2.07	15	2
1:A:163:PHE:O	1:A:256:GLY:N	0.49	2.46	15	7
1:A:239:GLU:HB2	1:A:259:ALA:O	0.49	2.07	11	2
1:A:97:LEU:CB	1:A:121:GLN:CD	0.49	2.80	7	2
1:A:110:SER:HB2	1:A:142:GLY:HA2	0.49	1.84	12	2
1:A:148:ASP:OD2	1:A:205:LYS:HD2	0.49	2.08	6	1
1:A:26:LEU:HD22	1:A:59:ALA:O	0.49	2.06	6	1
1:A:32:HIS:O	1:A:33:LYS:HE3	0.49	2.08	6	1
1:A:82:PHE:HE2	1:A:102:PHE:CD2	0.49	2.23	9	2
1:A:108:SER:CB	1:A:235:GLU:OE1	0.49	2.61	17	1
1:A:112:LEU:HB2	1:A:139:ASP:CG	0.49	2.27	17	2
1:A:203:TYR:OH	1:A:205:LYS:HA	0.49	2.08	3	2
1:A:98:GLU:HG3	1:A:120:GLU:HA	0.49	1.83	17	2
1:A:116:GLN:NE2	1:A:117:THR:O	0.49	2.46	10	1
1:A:88:ILE:HG22	1:A:89:GLU:N	0.49	2.22	3	1
1:A:41:THR:HA	1:A:68:SER:OG	0.49	2.08	9	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:175:THR:N	1:A:184:HIS:O	0.49	2.46	6	3
1:A:260:LYS:N	1:A:260:LYS:HE2	0.49	2.22	11	1
1:A:78:LYS:CE	1:A:106:LYS:HD3	0.49	2.37	11	1
1:A:158:TYR:CE2	1:A:240:VAL:HG12	0.49	2.42	5	1
1:A:102:PHE:CD1	1:A:104:VAL:HG23	0.49	2.42	14	3
1:A:42:LEU:O	1:A:66:GLY:O	0.49	2.30	7	1
1:A:107:GLN:HB2	1:A:238:GLN:OE1	0.49	2.07	9	1
1:A:158:TYR:CE2	1:A:238:GLN:CB	0.49	2.94	8	1
1:A:204:ILE:HB	1:A:213:VAL:HG21	0.49	1.84	8	2
1:A:224:GLU:OE2	1:A:246:VAL:CG1	0.49	2.60	8	1
1:A:199:LEU:HD13	1:A:228:TYR:HB2	0.49	1.85	1	1
1:A:109:HIS:HB3	1:A:143:GLU:CD	0.49	2.28	17	1
1:A:148:ASP:CB	1:A:205:LYS:CD	0.49	2.90	10	1
1:A:88:ILE:HB	1:A:95:ILE:HB	0.49	1.83	3	1
1:A:149:LYS:HB3	1:A:235:GLU:HG2	0.49	1.83	2	1
1:A:149:LYS:CB	1:A:235:GLU:HA	0.49	2.37	2	1
1:A:162:ALA:O	1:A:169:GLY:C	0.49	2.51	15	1
1:A:49:ASN:O	1:A:88:ILE:CG2	0.49	2.60	15	4
1:A:226:GLY:HA3	1:A:246:VAL:HB	0.49	1.83	13	1
1:A:255:ILE:H	1:A:255:ILE:CD1	0.49	2.20	13	1
1:A:52:LEU:HD21	1:A:64:GLY:HA2	0.49	1.84	4	1
1:A:112:LEU:HD13	1:A:258:ALA:HB1	0.49	1.85	5	1
1:A:29:PRO:HB3	1:A:70:ASN:OD1	0.49	2.07	7	1
1:A:172:LEU:CD2	1:A:258:ALA:C	0.49	2.81	6	1
1:A:37:LEU:C	1:A:72:GLY:HA3	0.49	2.28	6	1
1:A:98:GLU:HG2	1:A:120:GLU:CB	0.49	2.37	14	1
1:A:47:SER:C	1:A:65:ASN:CG	0.49	2.70	12	1
1:A:153:ASP:OD2	1:A:181:LYS:HD3	0.49	2.07	9	1
1:A:70:ASN:OD1	1:A:70:ASN:N	0.49	2.45	9	1
1:A:131:ALA:O	1:A:132:LYS:HB3	0.49	2.07	1	1
1:A:233:PHE:N	1:A:239:GLU:O	0.49	2.46	17	3
1:A:54:LEU:CD2	1:A:84:PHE:HB3	0.49	2.38	17	3
1:A:187:ILE:CB	1:A:228:TYR:OH	0.49	2.60	10	1
1:A:82:PHE:CE1	1:A:102:PHE:HD2	0.49	2.26	3	1
1:A:89:GLU:HA	1:A:94:LEU:HA	0.49	1.85	3	1
1:A:239:GLU:CA	1:A:260:LYS:HA	0.49	2.38	2	4
1:A:244:ALA:HB2	1:A:257:LEU:HD11	0.49	1.84	15	3
1:A:105:TYR:CE1	1:A:258:ALA:CB	0.49	2.94	11	1
1:A:39:SER:OG	1:A:70:ASN:HA	0.49	2.07	13	1
1:A:26:LEU:HB3	1:A:61:LYS:HB3	0.49	1.84	7	2
1:A:30:LEU:HD12	1:A:31:ASP:CA	0.49	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:30:LEU:HD12	1:A:31:ASP:CB	0.49	2.37	6	1
1:A:113:THR:HB	1:A:138:GLY:C	0.49	2.27	12	1
1:A:170:GLY:HA2	1:A:189:HIS:CG	0.49	2.42	9	1
1:A:105:TYR:CD1	1:A:105:TYR:N	0.49	2.80	10	1
1:A:77:ASP:OD2	1:A:260:LYS:HB2	0.49	2.07	10	1
1:A:74:LEU:HB2	1:A:78:LYS:CB	0.49	2.38	9	2
1:A:196:ASN:ND2	1:A:196:ASN:H	0.49	2.05	3	2
1:A:201:VAL:CG2	1:A:215:SER:C	0.49	2.81	3	2
1:A:49:ASN:CG	1:A:49:ASN:O	0.49	2.50	2	1
1:A:176:ILE:HD13	1:A:232:ILE:HD11	0.49	1.83	15	1
1:A:49:ASN:O	1:A:49:ASN:CG	0.49	2.51	15	3
1:A:203:TYR:CD1	1:A:203:TYR:N	0.49	2.80	11	1
1:A:213:VAL:O	1:A:214:ILE:HG12	0.49	2.06	13	1
1:A:25:ALA:HB2	1:A:71:THR:CG2	0.49	2.37	4	1
1:A:227:SER:CB	1:A:245:GLU:CB	0.49	2.89	14	2
1:A:79:VAL:HG22	1:A:105:TYR:CG	0.49	2.42	5	1
1:A:121:GLN:HA	1:A:129:MET:N	0.49	2.23	7	4
1:A:106:LYS:HD3	1:A:111:ALA:CB	0.49	2.36	6	1
1:A:112:LEU:HA	1:A:139:ASP:HB3	0.49	1.85	1	1
1:A:71:THR:HA	1:A:74:LEU:HD21	0.49	1.84	16	1
1:A:101:GLU:HB2	1:A:116:GLN:CD	0.49	2.28	17	2
1:A:103:GLN:NE2	1:A:161:THR:CG2	0.49	2.75	3	1
1:A:129:MET:C	1:A:130:VAL:HG23	0.49	2.28	14	4
1:A:179:ALA:HB1	1:A:205:LYS:CG	0.49	2.29	2	1
1:A:22:LEU:HD22	1:A:22:LEU:N	0.49	2.23	13	1
1:A:72:GLY:C	1:A:73:LYS:HG3	0.49	2.27	6	1
1:A:22:LEU:N	1:A:22:LEU:HD22	0.49	2.22	6	2
1:A:187:ILE:CG2	1:A:197:VAL:H	0.49	2.20	14	1
1:A:107:GLN:NE2	1:A:112:LEU:CD2	0.49	2.73	12	2
1:A:64:GLY:O	1:A:67:ASP:HB2	0.49	2.07	1	2
1:A:67:ASP:N	1:A:67:ASP:OD1	0.49	2.45	8	1
1:A:172:LEU:HD12	1:A:173:THR:N	0.49	2.22	1	1
1:A:52:LEU:CB	1:A:86:ARG:HA	0.49	2.38	1	1
1:A:110:SER:OG	1:A:140:ILE:CD1	0.49	2.60	10	1
1:A:207:ASP:HB2	1:A:212:ALA:C	0.49	2.28	10	1
1:A:79:VAL:CG1	1:A:81:ARG:NH2	0.49	2.76	10	1
1:A:88:ILE:HD13	1:A:95:ILE:HG22	0.49	1.81	3	1
1:A:90:VAL:C	1:A:92:GLY:N	0.49	2.63	3	1
1:A:39:SER:CB	1:A:70:ASN:ND2	0.49	2.76	2	1
1:A:42:LEU:HD11	1:A:69:LEU:HB2	0.49	1.83	1	2
1:A:47:SER:C	1:A:49:ASN:N	0.49	2.66	4	9

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:144:HIS:O	1:A:211:HIS:ND1	0.49	2.46	13	1
1:A:52:LEU:HD23	1:A:63:TYR:O	0.49	2.07	13	1
1:A:112:LEU:HB3	1:A:139:ASP:CG	0.49	2.28	4	1
1:A:39:SER:HB3	1:A:70:ASN:CG	0.49	2.28	16	3
1:A:230:LEU:HD12	1:A:242:GLY:HA3	0.49	1.85	7	2
1:A:52:LEU:CD1	1:A:63:TYR:OH	0.49	2.58	4	1
1:A:144:HIS:CB	1:A:210:HIS:CE1	0.49	2.95	7	1
1:A:79:VAL:HA	1:A:105:TYR:CG	0.49	2.43	7	1
1:A:42:LEU:N	1:A:42:LEU:HD12	0.49	2.22	16	2
1:A:111:ALA:O	1:A:140:ILE:HD11	0.49	2.05	6	1
1:A:155:MET:HG3	1:A:177:ASP:OD2	0.49	2.06	9	1
1:A:39:SER:CB	1:A:70:ASN:CB	0.49	2.91	16	2
1:A:153:ASP:OD1	1:A:179:ALA:C	0.48	2.51	17	1
1:A:212:ALA:HB3	1:A:232:ILE:CG2	0.48	2.32	11	3
1:A:145:THR:HB	1:A:211:HIS:CB	0.48	2.38	2	1
1:A:115:LEU:CD2	1:A:115:LEU:N	0.48	2.69	15	1
1:A:102:PHE:CZ	1:A:115:LEU:HD22	0.48	2.42	15	1
1:A:203:TYR:CZ	1:A:214:ILE:CG1	0.48	2.95	11	1
1:A:74:LEU:CD1	1:A:78:LYS:HA	0.48	2.38	4	1
1:A:25:ALA:HA	1:A:70:ASN:HB3	0.48	1.85	7	2
1:A:255:ILE:O	1:A:255:ILE:HD12	0.48	2.07	9	1
1:A:77:ASP:CB	1:A:260:LYS:HB2	0.48	2.38	9	1
1:A:112:LEU:C	1:A:139:ASP:HB3	0.48	2.28	1	1
1:A:172:LEU:HB3	1:A:187:ILE:HA	0.48	1.85	17	5
1:A:238:GLN:O	1:A:261:GLN:N	0.48	2.46	13	12
1:A:115:LEU:CD1	1:A:136:ARG:NH1	0.48	2.76	17	1
1:A:212:ALA:CA	1:A:232:ILE:O	0.48	2.61	3	1
1:A:145:THR:CB	1:A:211:HIS:HB3	0.48	2.38	2	1
1:A:145:THR:HA	1:A:233:PHE:HB3	0.48	1.85	2	1
1:A:187:ILE:HG21	1:A:218:VAL:HG12	0.48	1.84	2	1
1:A:219:LEU:HD11	1:A:226:GLY:O	0.48	2.08	2	1
1:A:232:ILE:HA	1:A:240:VAL:HG23	0.48	1.85	9	2
1:A:166:ASP:O	1:A:166:ASP:OD1	0.48	2.32	2	1
1:A:39:SER:HB2	1:A:69:LEU:O	0.48	2.08	15	2
1:A:22:LEU:H	1:A:22:LEU:HD23	0.48	1.68	7	3
1:A:120:GLU:HG2	1:A:132:LYS:HG2	0.48	1.85	13	1
1:A:170:GLY:H	1:A:189:HIS:CD2	0.48	2.24	7	1
1:A:197:VAL:CG2	1:A:220:TYR:CB	0.48	2.86	12	2
1:A:187:ILE:O	1:A:196:ASN:CA	0.48	2.62	12	2
1:A:144:HIS:HB3	1:A:211:HIS:ND1	0.48	2.22	1	1
1:A:220:TYR:CD1	1:A:221:ASN:N	0.48	2.81	15	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:107:GLN:NE2	1:A:237:ALA:HB2	0.48	2.22	10	1
1:A:81:ARG:CD	1:A:81:ARG:H	0.48	2.22	7	5
1:A:190:LEU:CD2	1:A:190:LEU:H	0.48	2.21	13	5
1:A:137:ILE:C	1:A:137:ILE:CD1	0.48	2.81	15	1
1:A:232:ILE:HG12	1:A:240:VAL:HB	0.48	1.85	15	2
1:A:228:TYR:CZ	1:A:257:LEU:HD21	0.48	2.43	15	1
1:A:79:VAL:HG22	1:A:105:TYR:CD1	0.48	2.42	5	1
1:A:112:LEU:HD21	1:A:239:GLU:CG	0.48	2.37	7	1
1:A:172:LEU:CG	1:A:172:LEU:O	0.48	2.60	12	3
1:A:77:ASP:OD2	1:A:260:LYS:CB	0.48	2.61	14	1
1:A:63:TYR:HA	1:A:67:ASP:OD1	0.48	2.08	12	1
1:A:230:LEU:HD23	1:A:241:ALA:C	0.48	2.26	1	1
1:A:178:PHE:C	1:A:180:ALA:N	0.48	2.67	12	6
1:A:204:ILE:CD1	1:A:213:VAL:CG2	0.48	2.89	10	1
1:A:46:ILE:CD1	1:A:64:GLY:O	0.48	2.60	3	1
1:A:49:ASN:O	1:A:49:ASN:ND2	0.48	2.46	13	2
1:A:156:ALA:CB	1:A:178:PHE:CE1	0.48	2.96	13	1
1:A:23:ALA:HB2	1:A:58:GLY:CA	0.48	2.36	13	1
1:A:39:SER:HB3	1:A:71:THR:N	0.48	2.23	4	1
1:A:181:LYS:CD	1:A:203:TYR:O	0.48	2.61	14	1
1:A:28:ALA:O	1:A:70:ASN:HB3	0.48	2.07	14	2
1:A:44:ASP:O	1:A:44:ASP:OD1	0.48	2.31	12	1
1:A:223:ASP:CG	1:A:224:GLU:HG2	0.48	2.29	8	1
1:A:177:ASP:HB3	1:A:182:GLN:N	0.48	2.24	17	1
1:A:176:ILE:HD13	1:A:214:ILE:CG1	0.48	2.39	10	2
1:A:217:SER:HA	1:A:227:SER:HA	0.48	1.86	6	12
1:A:234:GLY:HA2	1:A:239:GLU:HG2	0.48	1.85	8	2
1:A:26:LEU:C	1:A:61:LYS:HG3	0.48	2.28	17	2
1:A:145:THR:C	1:A:211:HIS:HA	0.48	2.28	1	4
1:A:145:THR:HA	1:A:233:PHE:HA	0.48	1.85	2	1
1:A:54:LEU:CD1	1:A:82:PHE:CD2	0.48	2.92	15	1
1:A:174:TYR:HA	1:A:185:GLY:CA	0.48	2.39	11	2
1:A:197:VAL:HG12	1:A:198:ASP:N	0.48	2.22	11	3
1:A:145:THR:OG1	1:A:149:LYS:HE2	0.48	2.08	7	1
1:A:174:TYR:HB3	1:A:176:ILE:HD11	0.48	1.84	6	1
1:A:170:GLY:HA2	1:A:190:LEU:HB2	0.48	1.86	14	1
1:A:145:THR:HG22	1:A:211:HIS:CG	0.48	2.44	14	1
1:A:111:ALA:C	1:A:112:LEU:HG	0.48	2.25	9	1
1:A:61:LYS:CD	1:A:63:TYR:CZ	0.48	2.95	1	1
1:A:248:THR:HG23	1:A:249:ALA:H	0.48	1.67	10	2
1:A:42:LEU:HD13	1:A:63:TYR:CE2	0.48	2.43	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:178:PHE:O	1:A:181:LYS:HB2	0.48	2.08	2	1
1:A:144:HIS:CG	1:A:235:GLU:HG3	0.48	2.43	2	1
1:A:73:LYS:O	1:A:73:LYS:HG2	0.48	2.09	15	1
1:A:108:SER:HB3	1:A:143:GLU:OE1	0.48	2.09	11	1
1:A:81:ARG:H	1:A:81:ARG:CD	0.48	2.20	16	4
1:A:129:MET:O	1:A:129:MET:HG3	0.48	2.09	14	1
1:A:169:GLY:HA3	1:A:189:HIS:NE2	0.48	2.24	9	2
1:A:46:ILE:O	1:A:65:ASN:CG	0.48	2.52	12	1
1:A:113:THR:N	1:A:138:GLY:O	0.48	2.46	12	2
1:A:86:ARG:HB2	1:A:98:GLU:CD	0.48	2.29	1	1
1:A:228:TYR:CD2	1:A:230:LEU:HD13	0.48	2.41	17	1
1:A:233:PHE:HB2	1:A:239:GLU:CG	0.48	2.39	17	1
1:A:196:ASN:N	1:A:196:ASN:HD22	0.48	2.05	6	5
1:A:81:ARG:CD	1:A:81:ARG:N	0.48	2.76	10	3
1:A:222:GLN:O	1:A:223:ASP:HB3	0.48	2.07	5	2
1:A:204:ILE:CB	1:A:213:VAL:CG2	0.48	2.91	3	1
1:A:50:GLY:HA3	1:A:88:ILE:HG13	0.48	1.85	3	1
1:A:115:LEU:CG	1:A:136:ARG:CB	0.48	2.92	4	3
1:A:230:LEU:C	1:A:230:LEU:CD2	0.48	2.78	13	1
1:A:86:ARG:O	1:A:86:ARG:HG3	0.48	2.08	7	2
1:A:39:SER:HA	1:A:71:THR:N	0.48	2.24	6	1
1:A:197:VAL:CG1	1:A:218:VAL:CG2	0.48	2.92	1	2
1:A:107:GLN:CG	1:A:110:SER:C	0.48	2.82	9	1
1:A:153:ASP:HA	1:A:181:LYS:HD3	0.48	1.85	8	1
1:A:54:LEU:HB2	1:A:84:PHE:HB3	0.48	1.84	1	1
1:A:207:ASP:C	1:A:209:LYS:N	0.48	2.65	17	3
1:A:184:HIS:HB2	1:A:200:ALA:HA	0.48	1.86	4	8
1:A:160:GLY:HA3	1:A:259:ALA:HB2	0.48	1.85	9	9
1:A:201:VAL:HG22	1:A:215:SER:CA	0.48	2.39	10	1
1:A:80:SER:N	1:A:104:VAL:O	0.48	2.46	6	12
1:A:228:TYR:CD1	1:A:244:ALA:HB1	0.48	2.43	9	3
1:A:226:GLY:HA2	1:A:246:VAL:HA	0.48	1.85	12	4
1:A:117:THR:O	1:A:118:GLU:HG2	0.48	2.08	2	2
1:A:147:PHE:CD2	1:A:212:ALA:CB	0.48	2.88	2	1
1:A:105:TYR:N	1:A:112:LEU:O	0.48	2.47	9	5
1:A:189:HIS:O	1:A:190:LEU:C	0.48	2.50	11	2
1:A:72:GLY:O	1:A:73:LYS:HG3	0.48	2.08	4	1
1:A:26:LEU:HD23	1:A:54:LEU:HB3	0.48	1.85	7	1
1:A:26:LEU:O	1:A:61:LYS:HB2	0.48	2.07	7	2
1:A:140:ILE:O	1:A:140:ILE:HG12	0.48	2.07	14	1
1:A:237:ALA:HB1	1:A:261:GLN:NE2	0.48	2.24	17	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:188:GLU:HA	1:A:196:ASN:HA	0.48	1.85	3	1
1:A:87:GLN:CD	1:A:97:LEU:HB3	0.48	2.29	3	1
1:A:117:THR:C	1:A:118:GLU:CG	0.48	2.82	4	2
1:A:168:ALA:O	1:A:189:HIS:HB3	0.48	2.09	15	1
1:A:187:ILE:C	1:A:187:ILE:CD1	0.48	2.75	15	1
1:A:89:GLU:HG3	1:A:95:ILE:HG12	0.48	1.84	8	3
1:A:209:LYS:HB2	1:A:211:HIS:NE2	0.48	2.24	13	1
1:A:136:ARG:NH2	1:A:136:ARG:HG3	0.48	2.24	4	1
1:A:199:LEU:H	1:A:199:LEU:CD2	0.48	2.16	7	1
1:A:169:GLY:CA	1:A:189:HIS:CD2	0.48	2.97	9	1
1:A:158:TYR:CD1	1:A:240:VAL:HG11	0.48	2.42	9	1
1:A:151:PRO:CA	1:A:152:LYS:HD2	0.48	2.39	8	1
1:A:23:ALA:HB1	1:A:58:GLY:C	0.48	2.28	16	1
1:A:161:THR:N	1:A:258:ALA:O	0.48	2.47	17	7
1:A:77:ASP:C	1:A:260:LYS:HD3	0.48	2.29	17	3
1:A:238:GLN:HB2	1:A:261:GLN:HB3	0.48	1.84	5	3
1:A:88:ILE:HG23	1:A:94:LEU:HB3	0.48	1.85	17	3
1:A:54:LEU:CD2	1:A:63:TYR:CG	0.48	2.96	11	2
1:A:196:ASN:HD22	1:A:196:ASN:N	0.48	2.05	3	1
1:A:147:PHE:C	1:A:149:LYS:N	0.48	2.65	15	3
1:A:23:ALA:CB	1:A:58:GLY:N	0.48	2.77	2	1
1:A:28:ALA:HB2	1:A:70:ASN:O	0.48	2.08	2	1
1:A:188:GLU:HA	1:A:196:ASN:CG	0.48	2.29	11	2
1:A:80:SER:O	1:A:104:VAL:CG2	0.48	2.62	15	1
1:A:144:HIS:O	1:A:149:LYS:HE2	0.48	2.09	11	1
1:A:176:ILE:HD13	1:A:176:ILE:N	0.48	2.24	11	1
1:A:22:LEU:HD11	1:A:80:SER:HA	0.48	1.86	13	1
1:A:189:HIS:HB3	1:A:196:ASN:ND2	0.48	2.23	6	1
1:A:82:PHE:HZ	1:A:102:PHE:CD2	0.47	2.24	17	2
1:A:187:ILE:HG21	1:A:218:VAL:CG2	0.47	2.36	10	1
1:A:90:VAL:CG1	1:A:91:ASP:N	0.47	2.77	13	10
1:A:199:LEU:HD22	1:A:199:LEU:N	0.47	2.19	7	1
1:A:199:LEU:HB3	1:A:218:VAL:CA	0.47	2.39	7	1
1:A:239:GLU:HA	1:A:261:GLN:N	0.47	2.24	7	1
1:A:133:ARG:HD2	1:A:165:SER:O	0.47	2.08	7	1
1:A:203:TYR:CD1	1:A:214:ILE:CG1	0.47	2.96	6	2
1:A:74:LEU:CD1	1:A:106:LYS:HD3	0.47	2.39	12	1
1:A:52:LEU:HD13	1:A:84:PHE:HB2	0.47	1.85	8	1
1:A:199:LEU:CD1	1:A:228:TYR:HB2	0.47	2.38	1	1
1:A:84:PHE:CZ	1:A:102:PHE:CD2	0.47	3.01	1	1
1:A:202:ALA:O	1:A:214:ILE:HA	0.47	2.09	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:120:GLU:HG3	1:A:130:VAL:HB	0.47	1.86	16	1
1:A:153:ASP:CG	1:A:180:ALA:CA	0.47	2.83	12	2
1:A:186:LYS:HA	1:A:199:LEU:HB2	0.47	1.85	2	5
1:A:143:GLU:O	1:A:235:GLU:CB	0.47	2.62	10	1
1:A:176:ILE:CD1	1:A:214:ILE:HG13	0.47	2.39	3	1
1:A:198:ASP:HB3	1:A:219:LEU:O	0.47	2.09	3	2
1:A:176:ILE:CG1	1:A:183:GLY:CA	0.47	2.89	2	2
1:A:77:ASP:HB2	1:A:260:LYS:NZ	0.47	2.24	15	1
1:A:89:GLU:HG3	1:A:95:ILE:CD1	0.47	2.40	5	1
1:A:147:PHE:HE2	1:A:178:PHE:CD1	0.47	2.26	12	1
1:A:186:LYS:HE3	1:A:198:ASP:HA	0.47	1.86	12	1
1:A:169:GLY:HA3	1:A:189:HIS:CE1	0.47	2.44	12	1
1:A:198:ASP:O	1:A:218:VAL:HG23	0.47	2.09	12	1
1:A:147:PHE:HD2	1:A:203:TYR:CE2	0.47	2.26	16	1
1:A:145:THR:HB	1:A:233:PHE:HB3	0.47	1.86	17	1
1:A:158:TYR:O	1:A:174:TYR:N	0.47	2.47	13	7
1:A:87:GLN:CB	1:A:97:LEU:HA	0.47	2.39	3	1
1:A:147:PHE:CB	1:A:151:PRO:HG2	0.47	2.38	11	1
1:A:260:LYS:HE3	1:A:261:GLN:HG2	0.47	1.85	4	1
1:A:107:GLN:CG	1:A:108:SER:N	0.47	2.76	5	2
1:A:145:THR:HB	1:A:235:GLU:HB3	0.47	1.85	5	2
1:A:89:GLU:HG3	1:A:95:ILE:HD12	0.47	1.85	5	1
1:A:176:ILE:CB	1:A:203:TYR:CD2	0.47	2.96	7	1
1:A:166:ASP:HB2	1:A:253:HIS:HB3	0.47	1.86	6	1
1:A:145:THR:H	1:A:211:HIS:CD2	0.47	2.27	14	1
1:A:180:ALA:C	1:A:181:LYS:CG	0.47	2.83	8	2
1:A:42:LEU:N	1:A:42:LEU:CD1	0.47	2.74	9	1
1:A:107:GLN:CD	1:A:260:LYS:HB3	0.47	2.29	8	1
1:A:135:PHE:CD2	1:A:135:PHE:O	0.47	2.67	1	1
1:A:172:LEU:HD22	1:A:174:TYR:CZ	0.47	2.44	1	1
1:A:88:ILE:HD11	1:A:94:LEU:HD13	0.47	1.85	16	1
1:A:133:ARG:O	1:A:134:ARG:HD2	0.47	2.08	16	1
1:A:134:ARG:C	1:A:135:PHE:CD1	0.47	2.88	17	1
1:A:87:GLN:CG	1:A:97:LEU:HA	0.47	2.39	12	3
1:A:154:VAL:O	1:A:154:VAL:CG1	0.47	2.62	3	1
1:A:167:ASP:OD1	1:A:189:HIS:CE1	0.47	2.68	3	1
1:A:96:THR:C	1:A:97:LEU:HG	0.47	2.29	3	1
1:A:89:GLU:HA	1:A:95:ILE:HD13	0.47	1.86	5	2
1:A:204:ILE:HG12	1:A:213:VAL:HB	0.47	1.87	4	2
1:A:24:ASP:HB3	1:A:28:ALA:O	0.47	2.10	7	1
1:A:174:TYR:HE2	1:A:228:TYR:CE2	0.47	2.27	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:113:THR:N	1:A:139:ASP:CB	0.47	2.77	1	1
1:A:147:PHE:CD1	1:A:203:TYR:CE1	0.47	3.01	1	1
1:A:197:VAL:HG12	1:A:219:LEU:O	0.47	2.08	17	1
1:A:145:THR:HG1	1:A:233:PHE:HD1	0.47	1.52	17	1
1:A:143:GLU:CB	1:A:233:PHE:CD1	0.47	2.97	3	1
1:A:187:ILE:O	1:A:197:VAL:N	0.47	2.47	12	3
1:A:243:SER:HG	1:A:254:HIS:CE1	0.47	2.27	2	1
1:A:210:HIS:CD2	1:A:210:HIS:N	0.47	2.79	15	1
1:A:65:ASN:ND2	1:A:66:GLY:N	0.47	2.63	15	1
1:A:26:LEU:CD2	1:A:54:LEU:HD21	0.47	2.40	4	1
1:A:49:ASN:H	1:A:49:ASN:ND2	0.47	2.06	14	1
1:A:195:LEU:H	1:A:195:LEU:CD1	0.47	2.22	1	1
1:A:49:ASN:C	1:A:51:THR:N	0.47	2.67	1	1
1:A:109:HIS:ND1	1:A:235:GLU:OE1	0.47	2.47	17	1
1:A:167:ASP:CG	1:A:189:HIS:CD2	0.47	2.88	17	1
1:A:147:PHE:HB2	1:A:205:LYS:HE2	0.47	1.86	17	1
1:A:49:ASN:ND2	1:A:49:ASN:H	0.47	2.06	17	1
1:A:71:THR:HG21	1:A:106:LYS:CD	0.47	2.38	10	2
1:A:202:ALA:N	1:A:215:SER:O	0.47	2.48	10	4
1:A:219:LEU:HG	1:A:225:LYS:HA	0.47	1.85	10	3
1:A:105:TYR:HB3	1:A:112:LEU:HG	0.47	1.85	3	6
1:A:146:SER:OG	1:A:148:ASP:CB	0.47	2.63	15	1
1:A:183:GLY:O	1:A:184:HIS:HB2	0.47	2.08	15	2
1:A:42:LEU:H	1:A:42:LEU:CD2	0.47	2.20	15	1
1:A:233:PHE:O	1:A:235:GLU:N	0.47	2.47	11	1
1:A:188:GLU:CB	1:A:196:ASN:HD22	0.47	2.23	13	1
1:A:230:LEU:CG	1:A:231:GLY:N	0.47	2.78	13	1
1:A:85:ILE:CD1	1:A:87:GLN:CD	0.47	2.82	13	1
1:A:176:ILE:HD13	1:A:203:TYR:CE1	0.47	2.45	4	1
1:A:149:LYS:HE2	1:A:235:GLU:HA	0.47	1.85	7	1
1:A:176:ILE:CG1	1:A:201:VAL:HB	0.47	2.40	7	1
1:A:195:LEU:CD1	1:A:195:LEU:H	0.47	2.22	9	2
1:A:159:ARG:C	1:A:259:ALA:CB	0.47	2.74	6	3
1:A:172:LEU:HD21	1:A:259:ALA:CA	0.47	2.35	6	1
1:A:39:SER:HA	1:A:70:ASN:C	0.47	2.30	6	1
1:A:130:VAL:HG12	1:A:131:ALA:N	0.47	2.24	14	1
1:A:174:TYR:OH	1:A:240:VAL:HG13	0.47	2.09	14	1
1:A:138:GLY:O	1:A:139:ASP:HB3	0.47	2.09	12	1
1:A:77:ASP:O	1:A:105:TYR:OH	0.47	2.18	9	1
1:A:227:SER:OG	1:A:245:GLU:HB2	0.47	2.09	1	2
1:A:84:PHE:CE1	1:A:102:PHE:HD2	0.47	2.22	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:167:ASP:CG	1:A:189:HIS:CB	0.47	2.82	17	1
1:A:188:GLU:CG	1:A:196:ASN:CB	0.47	2.92	10	1
1:A:201:VAL:CG2	1:A:202:ALA:N	0.47	2.77	3	1
1:A:34:ASP:OD2	1:A:38:LYS:HG3	0.47	2.10	2	1
1:A:150:LEU:HD22	1:A:234:GLY:O	0.47	2.10	2	1
1:A:203:TYR:CE1	1:A:204:ILE:C	0.47	2.88	15	1
1:A:47:SER:CA	1:A:65:ASN:CB	0.47	2.92	15	1
1:A:34:ASP:HA	1:A:73:LYS:NZ	0.47	2.25	15	1
1:A:207:ASP:OD2	1:A:213:VAL:HA	0.47	2.09	11	1
1:A:151:PRO:HD3	1:A:234:GLY:O	0.47	2.09	13	1
1:A:105:TYR:O	1:A:112:LEU:N	0.47	2.48	6	3
1:A:106:LYS:HG3	1:A:111:ALA:HB2	0.47	1.86	13	1
1:A:38:LYS:HD3	1:A:78:LYS:HD2	0.47	1.85	4	1
1:A:69:LEU:HD12	1:A:69:LEU:C	0.47	2.30	4	1
1:A:223:ASP:C	1:A:223:ASP:OD1	0.47	2.52	5	1
1:A:77:ASP:HB2	1:A:260:LYS:CE	0.47	2.40	14	2
1:A:247:GLU:HA	1:A:252:ILE:HG13	0.47	1.87	5	1
1:A:199:LEU:H	1:A:199:LEU:CD1	0.47	2.19	7	1
1:A:168:ALA:C	1:A:190:LEU:HD23	0.47	2.29	6	1
1:A:150:LEU:HD23	1:A:151:PRO:CB	0.47	2.39	6	3
1:A:144:HIS:HB2	1:A:235:GLU:CD	0.47	2.30	14	1
1:A:187:ILE:HG13	1:A:187:ILE:O	0.47	2.09	12	1
1:A:208:GLU:HB3	1:A:209:LYS:HD3	0.47	1.85	12	1
1:A:199:LEU:HD23	1:A:217:SER:O	0.47	2.10	8	1
1:A:113:THR:CG2	1:A:114:ALA:N	0.47	2.77	1	1
1:A:19:GLY:O	1:A:22:LEU:HD22	0.47	2.10	1	1
1:A:98:GLU:HB2	1:A:120:GLU:HG3	0.47	1.86	1	1
1:A:64:GLY:C	1:A:67:ASP:OD1	0.47	2.53	1	1
1:A:36:GLY:O	1:A:37:LEU:O	0.47	2.33	1	1
1:A:30:LEU:HD12	1:A:38:LYS:HB3	0.47	1.87	16	1
1:A:233:PHE:CZ	1:A:239:GLU:HG2	0.47	2.45	10	1
1:A:144:HIS:CA	1:A:211:HIS:CD2	0.47	2.97	3	1
1:A:222:GLN:O	1:A:223:ASP:HB2	0.47	2.09	12	3
1:A:22:LEU:CD1	1:A:80:SER:HA	0.47	2.39	13	1
1:A:199:LEU:HD11	1:A:201:VAL:CG2	0.47	2.36	4	2
1:A:248:THR:OG1	1:A:249:ALA:N	0.47	2.48	5	2
1:A:174:TYR:HA	1:A:185:GLY:HA2	0.47	1.85	6	1
1:A:171:LYS:HB2	1:A:188:GLU:HG2	0.47	1.87	6	1
1:A:82:PHE:HE1	1:A:102:PHE:CD2	0.47	2.27	14	1
1:A:229:SER:CA	1:A:230:LEU:HD12	0.47	2.40	8	1
1:A:178:PHE:C	1:A:180:ALA:H	0.47	2.13	4	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:30:LEU:HD21	1:A:38:LYS:HD2	0.47	1.87	17	1
1:A:54:LEU:HB2	1:A:82:PHE:CE1	0.47	2.45	10	1
1:A:204:ILE:N	1:A:204:ILE:HD13	0.47	2.25	2	1
1:A:144:HIS:HB2	1:A:235:GLU:HB2	0.47	1.86	2	1
1:A:93:GLN:OE1	1:A:94:LEU:HB2	0.47	2.10	11	1
1:A:72:GLY:O	1:A:73:LYS:HG2	0.47	2.08	7	2
1:A:113:THR:OG1	1:A:138:GLY:HA3	0.47	2.10	4	1
1:A:54:LEU:HD22	1:A:82:PHE:CE2	0.47	2.44	4	1
1:A:158:TYR:CD2	1:A:176:ILE:HD13	0.47	2.44	6	1
1:A:170:GLY:H	1:A:187:ILE:HD11	0.47	1.70	6	1
1:A:80:SER:HB3	1:A:104:VAL:HB	0.47	1.86	14	2
1:A:204:ILE:HG22	1:A:205:LYS:N	0.47	2.25	14	1
1:A:85:ILE:HG12	1:A:99:SER:HB2	0.47	1.86	16	2
1:A:190:LEU:CD2	1:A:190:LEU:N	0.47	2.78	8	2
1:A:227:SER:OG	1:A:245:GLU:CB	0.47	2.63	1	1
1:A:113:THR:CA	1:A:138:GLY:O	0.47	2.63	16	1
1:A:176:ILE:HG22	1:A:203:TYR:CG	0.47	2.45	16	1
1:A:204:ILE:HD13	1:A:213:VAL:HB	0.47	1.85	17	1
1:A:147:PHE:O	1:A:150:LEU:HG	0.47	2.10	2	2
1:A:171:LYS:O	1:A:188:GLU:N	0.47	2.45	3	3
1:A:100:GLY:HA3	1:A:117:THR:HA	0.47	1.87	2	10
1:A:145:THR:HA	1:A:233:PHE:CA	0.47	2.40	2	1
1:A:152:LYS:O	1:A:154:VAL:HB	0.47	2.10	15	1
1:A:239:GLU:CD	1:A:260:LYS:CA	0.47	2.83	15	1
1:A:197:VAL:HG11	1:A:218:VAL:HG13	0.47	1.86	13	1
1:A:244:ALA:C	1:A:245:GLU:HG3	0.47	2.29	13	1
1:A:112:LEU:HB3	1:A:139:ASP:HA	0.47	1.86	4	1
1:A:149:LYS:HD3	1:A:149:LYS:O	0.47	2.09	6	2
1:A:112:LEU:HD13	1:A:241:ALA:HB2	0.47	1.86	6	1
1:A:112:LEU:HB2	1:A:139:ASP:HB2	0.47	1.87	6	1
1:A:239:GLU:HG2	1:A:260:LYS:HA	0.47	1.87	6	1
1:A:246:VAL:HG11	1:A:253:HIS:HB2	0.47	1.86	6	1
1:A:174:TYR:CA	1:A:185:GLY:HA3	0.47	2.40	14	1
1:A:175:THR:HB	1:A:184:HIS:NE2	0.46	2.25	17	1
1:A:172:LEU:HA	1:A:188:GLU:OE1	0.46	2.10	10	1
1:A:107:GLN:NE2	1:A:237:ALA:CB	0.46	2.79	10	1
1:A:172:LEU:HA	1:A:187:ILE:HB	0.46	1.87	3	1
1:A:79:VAL:CG1	1:A:103:GLN:NE2	0.46	2.78	2	1
1:A:197:VAL:CG2	1:A:224:GLU:HB3	0.46	2.41	2	1
1:A:163:PHE:CE1	1:A:256:GLY:O	0.46	2.68	2	1
1:A:183:GLY:HA3	1:A:203:TYR:CG	0.46	2.45	11	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:145:THR:CB	1:A:234:GLY:N	0.46	2.78	4	1
1:A:22:LEU:H	1:A:22:LEU:CD2	0.46	2.23	7	1
1:A:171:LYS:CD	1:A:188:GLU:OE1	0.46	2.63	6	1
1:A:147:PHE:CD1	1:A:203:TYR:OH	0.46	2.68	12	1
1:A:113:THR:HG22	1:A:114:ALA:H	0.46	1.69	1	1
1:A:198:ASP:N	1:A:219:LEU:O	0.46	2.47	8	9
1:A:200:ALA:N	1:A:217:SER:O	0.46	2.48	10	1
1:A:77:ASP:HB2	1:A:260:LYS:HD3	0.46	1.81	10	1
1:A:201:VAL:HB	1:A:216:GLY:HA3	0.46	1.88	3	1
1:A:96:THR:C	1:A:97:LEU:CD1	0.46	2.83	3	1
1:A:187:ILE:HG21	1:A:197:VAL:HG12	0.46	1.84	2	1
1:A:151:PRO:O	1:A:152:LYS:HD2	0.46	2.09	12	2
1:A:158:TYR:N	1:A:158:TYR:CD1	0.46	2.79	11	1
1:A:100:GLY:HA2	1:A:118:GLU:HG2	0.46	1.86	14	3
1:A:137:ILE:HG23	1:A:137:ILE:O	0.46	2.09	5	2
1:A:230:LEU:HD13	1:A:257:LEU:HD13	0.46	1.85	4	1
1:A:74:LEU:HD12	1:A:75:LYS:N	0.46	2.25	4	1
1:A:147:PHE:HB3	1:A:203:TYR:CZ	0.46	2.45	5	1
1:A:86:ARG:O	1:A:87:GLN:CG	0.46	2.63	7	1
1:A:120:GLU:HG2	1:A:130:VAL:CB	0.46	2.40	14	1
1:A:145:THR:HG22	1:A:211:HIS:CD2	0.46	2.45	14	1
1:A:220:TYR:OH	1:A:246:VAL:HG21	0.46	2.10	12	1
1:A:189:HIS:HB3	1:A:190:LEU:CD2	0.46	2.39	9	1
1:A:112:LEU:CD2	1:A:140:ILE:CD1	0.46	2.90	8	1
1:A:110:SER:HB3	1:A:142:GLY:HA2	0.46	1.85	1	1
1:A:50:GLY:O	1:A:51:THR:CG2	0.46	2.63	1	1
1:A:190:LEU:CD1	1:A:195:LEU:CD2	0.46	2.64	17	1
1:A:87:GLN:HB3	1:A:97:LEU:HG	0.46	1.88	10	8
1:A:87:GLN:CB	1:A:97:LEU:HG	0.46	2.40	10	2
1:A:71:THR:C	1:A:73:LYS:N	0.46	2.67	15	3
1:A:20:THR:CG2	1:A:57:GLN:HB3	0.46	2.40	5	2
1:A:172:LEU:CD2	1:A:172:LEU:N	0.46	2.76	3	1
1:A:210:HIS:CD2	1:A:211:HIS:HD2	0.46	2.22	3	1
1:A:87:GLN:HB3	1:A:97:LEU:CB	0.46	2.41	3	1
1:A:188:GLU:CB	1:A:196:ASN:CB	0.46	2.94	15	1
1:A:161:THR:C	1:A:172:LEU:HD23	0.46	2.30	11	1
1:A:75:LYS:HB2	1:A:78:LYS:CD	0.46	2.41	13	1
1:A:145:THR:CB	1:A:234:GLY:H	0.46	2.24	4	2
1:A:159:ARG:HB3	1:A:159:ARG:NH2	0.46	2.25	4	1
1:A:143:GLU:CA	1:A:233:PHE:CB	0.46	2.93	5	2
1:A:81:ARG:HB3	1:A:103:GLN:OE1	0.46	2.09	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:163:PHE:HZ	1:A:254:HIS:CE1	0.46	2.29	8	1
1:A:77:ASP:CB	1:A:260:LYS:HE2	0.46	2.39	8	1
1:A:158:TYR:HA	1:A:261:GLN:C	0.46	2.30	1	2
1:A:174:TYR:HB3	1:A:184:HIS:C	0.46	2.31	16	1
1:A:158:TYR:CD2	1:A:240:VAL:CG1	0.46	2.99	17	2
1:A:197:VAL:HB	1:A:218:VAL:HG12	0.46	1.87	17	1
1:A:170:GLY:HA2	1:A:189:HIS:CA	0.46	2.41	10	1
1:A:218:VAL:HG12	1:A:227:SER:CA	0.46	2.41	10	1
1:A:178:PHE:HB3	1:A:181:LYS:HG3	0.46	1.86	2	1
1:A:158:TYR:HB2	1:A:174:TYR:HB3	0.46	1.87	13	2
1:A:107:GLN:CD	1:A:239:GLU:HG2	0.46	2.31	1	2
1:A:120:GLU:CG	1:A:132:LYS:HG2	0.46	2.40	13	1
1:A:38:LYS:HD2	1:A:74:LEU:HG	0.46	1.86	4	1
1:A:38:LYS:HD3	1:A:78:LYS:CD	0.46	2.40	4	1
1:A:38:LYS:CD	1:A:78:LYS:HD2	0.46	2.39	4	1
1:A:218:VAL:HG23	1:A:227:SER:O	0.46	2.10	14	2
1:A:98:GLU:CD	1:A:117:THR:HG23	0.46	2.30	9	1
1:A:107:GLN:CD	1:A:239:GLU:CB	0.46	2.83	8	1
1:A:207:ASP:OD2	1:A:211:HIS:NE2	0.46	2.49	10	1
1:A:218:VAL:CB	1:A:228:TYR:CD1	0.46	2.97	10	1
1:A:218:VAL:N	1:A:226:GLY:O	0.46	2.45	12	5
1:A:103:GLN:C	1:A:103:GLN:CD	0.46	2.74	2	1
1:A:147:PHE:HE2	1:A:203:TYR:CE2	0.46	2.29	2	1
1:A:94:LEU:O	1:A:95:ILE:HD13	0.46	2.11	2	2
1:A:239:GLU:HB2	1:A:260:LYS:HA	0.46	1.87	7	5
1:A:249:ALA:O	1:A:250:ASN:HB2	0.46	2.10	12	6
1:A:97:LEU:HD22	1:A:121:GLN:HE21	0.46	1.71	15	1
1:A:46:ILE:HB	1:A:65:ASN:HB2	0.46	1.88	15	1
1:A:112:LEU:CB	1:A:139:ASP:HA	0.46	2.40	4	1
1:A:112:LEU:HB3	1:A:139:ASP:OD2	0.46	2.10	4	1
1:A:74:LEU:HD11	1:A:78:LYS:HG3	0.46	1.88	4	1
1:A:147:PHE:HE2	1:A:203:TYR:CD1	0.46	2.24	7	1
1:A:32:HIS:O	1:A:33:LYS:HE2	0.46	2.07	6	1
1:A:160:GLY:N	1:A:259:ALA:CB	0.46	2.79	14	2
1:A:46:ILE:O	1:A:65:ASN:HB2	0.46	2.07	12	1
1:A:42:LEU:CB	1:A:45:SER:HB2	0.46	2.40	1	1
1:A:143:GLU:O	1:A:144:HIS:C	0.46	2.53	10	1
1:A:158:TYR:OH	1:A:178:PHE:CZ	0.46	2.67	3	1
1:A:214:ILE:HG13	1:A:232:ILE:HG22	0.46	1.87	11	3
1:A:158:TYR:CD2	1:A:176:ILE:HG12	0.46	2.45	11	1
1:A:99:SER:O	1:A:118:GLU:HG2	0.46	2.10	13	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:183:GLY:HA3	1:A:214:ILE:HD13	0.46	1.87	13	1
1:A:174:TYR:HE2	1:A:228:TYR:CE1	0.46	2.26	7	2
1:A:85:ILE:HG12	1:A:99:SER:HB3	0.46	1.86	6	2
1:A:144:HIS:O	1:A:235:GLU:CG	0.46	2.64	14	1
1:A:108:SER:CB	1:A:237:ALA:HB2	0.46	2.40	14	1
1:A:77:ASP:HB3	1:A:260:LYS:HE2	0.46	1.87	8	2
1:A:117:THR:N	1:A:134:ARG:O	0.46	2.49	8	8
1:A:201:VAL:HG21	1:A:215:SER:N	0.46	2.25	3	1
1:A:140:ILE:HG21	1:A:233:PHE:CE2	0.46	2.46	3	1
1:A:185:GLY:O	1:A:199:LEU:N	0.46	2.48	14	3
1:A:46:ILE:HB	1:A:65:ASN:CB	0.46	2.41	15	1
1:A:39:SER:HB2	1:A:70:ASN:HA	0.46	1.88	8	3
1:A:230:LEU:HG	1:A:242:GLY:CA	0.46	2.41	4	1
1:A:176:ILE:CG2	1:A:177:ASP:N	0.46	2.78	7	1
1:A:77:ASP:OD2	1:A:239:GLU:HB2	0.46	2.11	14	1
1:A:181:LYS:C	1:A:182:GLN:HG3	0.46	2.31	12	1
1:A:228:TYR:CD1	1:A:244:ALA:HB2	0.46	2.46	9	2
1:A:39:SER:HB3	1:A:70:ASN:HB3	0.46	1.88	9	1
1:A:241:ALA:HB1	1:A:258:ALA:HA	0.46	1.87	9	1
1:A:77:ASP:C	1:A:260:LYS:HE2	0.46	2.31	8	1
1:A:80:SER:O	1:A:82:PHE:CE1	0.46	2.68	1	1
1:A:197:VAL:HG12	1:A:220:TYR:CG	0.46	2.46	16	1
1:A:117:THR:OG1	1:A:134:ARG:HB3	0.46	2.11	5	2
1:A:79:VAL:HG22	1:A:81:ARG:CZ	0.46	2.40	10	1
1:A:144:HIS:CB	1:A:233:PHE:CB	0.46	2.93	12	3
1:A:115:LEU:O	1:A:135:PHE:HA	0.46	2.11	15	2
1:A:165:SER:OG	1:A:254:HIS:CB	0.46	2.64	11	1
1:A:74:LEU:HB3	1:A:78:LYS:HG2	0.46	1.88	11	1
1:A:90:VAL:CB	1:A:93:GLN:HG2	0.46	2.41	11	1
1:A:201:VAL:HG11	1:A:214:ILE:C	0.46	2.31	12	3
1:A:203:TYR:OH	1:A:232:ILE:HG21	0.46	2.10	4	1
1:A:47:SER:O	1:A:48:GLN:C	0.46	2.54	12	3
1:A:143:GLU:HB3	1:A:233:PHE:CB	0.46	2.41	5	1
1:A:77:ASP:HB2	1:A:260:LYS:HE3	0.46	1.88	5	2
1:A:89:GLU:CA	1:A:95:ILE:HD13	0.46	2.41	5	1
1:A:131:ALA:C	1:A:132:LYS:CG	0.46	2.83	14	1
1:A:233:PHE:CD2	1:A:239:GLU:HB2	0.46	2.46	1	1
1:A:203:TYR:OH	1:A:205:LYS:CD	0.46	2.64	17	1
1:A:176:ILE:HA	1:A:183:GLY:HA2	0.46	1.88	6	5
1:A:143:GLU:HB2	1:A:235:GLU:CB	0.46	2.41	10	1
1:A:172:LEU:HA	1:A:187:ILE:CB	0.46	2.41	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:84:PHE:CE2	1:A:102:PHE:CB	0.46	2.99	16	5
1:A:244:ALA:CB	1:A:257:LEU:HD11	0.46	2.41	16	2
1:A:114:ALA:CB	1:A:137:ILE:HD12	0.46	2.41	11	1
1:A:169:GLY:O	1:A:189:HIS:CD2	0.46	2.69	11	1
1:A:145:THR:C	1:A:235:GLU:HB3	0.46	2.31	13	1
1:A:154:VAL:HG12	1:A:155:MET:N	0.46	2.26	13	2
1:A:42:LEU:HB3	1:A:45:SER:HB2	0.46	1.87	1	2
1:A:34:ASP:OD1	1:A:34:ASP:N	0.46	2.49	7	1
1:A:22:LEU:HD11	1:A:57:GLN:HB3	0.46	1.88	14	1
1:A:153:ASP:HB2	1:A:180:ALA:HB3	0.46	1.87	9	1
1:A:168:ALA:HB3	1:A:190:LEU:HD22	0.46	1.87	1	1
1:A:212:ALA:O	1:A:232:ILE:N	0.46	2.49	1	1
1:A:86:ARG:HD3	1:A:98:GLU:HG3	0.46	1.87	1	1
1:A:145:THR:HB	1:A:233:PHE:CD1	0.46	2.46	17	1
1:A:30:LEU:CG	1:A:38:LYS:HB3	0.46	2.41	17	1
1:A:86:ARG:N	1:A:98:GLU:O	0.46	2.49	3	5
1:A:178:PHE:HB3	1:A:181:LYS:CG	0.46	2.41	2	1
1:A:133:ARG:HD2	1:A:166:ASP:CG	0.46	2.32	2	1
1:A:143:GLU:OE1	1:A:238:GLN:CD	0.46	2.54	11	1
1:A:165:SER:OG	1:A:254:HIS:N	0.46	2.48	11	1
1:A:178:PHE:CZ	1:A:181:LYS:HG2	0.46	2.44	11	1
1:A:204:ILE:O	1:A:213:VAL:CG2	0.46	2.54	4	1
1:A:211:HIS:N	1:A:211:HIS:ND1	0.46	2.63	4	1
1:A:260:LYS:HE3	1:A:261:GLN:OXT	0.46	2.11	4	1
1:A:38:LYS:HE2	1:A:78:LYS:HG3	0.46	1.87	4	1
1:A:149:LYS:C	1:A:152:LYS:HE2	0.46	2.32	5	1
1:A:161:THR:CA	1:A:172:LEU:HD21	0.46	2.41	14	1
1:A:20:THR:CG2	1:A:57:GLN:CG	0.46	2.94	14	1
1:A:46:ILE:HD12	1:A:67:ASP:OD1	0.46	2.08	14	1
1:A:152:LYS:O	1:A:178:PHE:CG	0.46	2.69	12	1
1:A:209:LYS:N	1:A:209:LYS:HD3	0.46	2.25	12	1
1:A:153:ASP:OD1	1:A:181:LYS:HE2	0.46	2.10	9	1
1:A:203:TYR:CD2	1:A:232:ILE:HD13	0.46	2.46	9	1
1:A:22:LEU:CD2	1:A:22:LEU:H	0.46	2.20	1	1
1:A:52:LEU:N	1:A:63:TYR:O	0.46	2.49	1	1
1:A:88:ILE:HD12	1:A:88:ILE:H	0.46	1.63	1	1
1:A:105:TYR:CB	1:A:112:LEU:HB2	0.46	2.41	16	1
1:A:172:LEU:CB	1:A:174:TYR:CZ	0.46	2.99	16	1
1:A:197:VAL:CG2	1:A:218:VAL:CG1	0.46	2.94	16	1
1:A:54:LEU:O	1:A:61:LYS:N	0.45	2.49	7	5
1:A:142:GLY:C	1:A:143:GLU:CD	0.45	2.74	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:71:THR:CA	1:A:74:LEU:CD2	0.45	2.94	10	2
1:A:55:SER:HA	1:A:60:GLU:CA	0.45	2.41	6	10
1:A:181:LYS:HA	1:A:203:TYR:HB3	0.45	1.88	14	2
1:A:115:LEU:HD23	1:A:136:ARG:NE	0.45	2.27	2	1
1:A:203:TYR:CE1	1:A:214:ILE:CG1	0.45	2.99	4	3
1:A:87:GLN:OE1	1:A:97:LEU:HB3	0.45	2.11	15	1
1:A:230:LEU:CD2	1:A:242:GLY:C	0.45	2.84	8	2
1:A:90:VAL:HB	1:A:93:GLN:HB3	0.45	1.87	11	1
1:A:146:SER:O	1:A:235:GLU:HB2	0.45	2.08	13	1
1:A:75:LYS:HE3	1:A:78:LYS:HD2	0.45	1.88	13	1
1:A:154:VAL:HB	1:A:178:PHE:HB2	0.45	1.87	14	1
1:A:252:ILE:H	1:A:252:ILE:HD12	0.45	1.70	14	1
1:A:32:HIS:N	1:A:32:HIS:CD2	0.45	2.83	14	1
1:A:201:VAL:CG2	1:A:216:GLY:N	0.45	2.57	12	1
1:A:167:ASP:HB3	1:A:189:HIS:HB3	0.45	1.89	17	1
1:A:199:LEU:CD2	1:A:228:TYR:HB2	0.45	2.42	17	1
1:A:84:PHE:CD2	1:A:102:PHE:CD2	0.45	3.03	17	1
1:A:204:ILE:CG1	1:A:213:VAL:CG2	0.45	2.94	10	1
1:A:253:HIS:H	1:A:253:HIS:CD2	0.45	2.29	3	1
1:A:25:ALA:CB	1:A:74:LEU:HD12	0.45	2.41	2	1
1:A:100:GLY:HA2	1:A:118:GLU:HG3	0.45	1.87	4	2
1:A:37:LEU:C	1:A:72:GLY:HA2	0.45	2.31	15	1
1:A:213:VAL:C	1:A:214:ILE:HG13	0.45	2.31	11	2
1:A:235:GLU:O	1:A:261:GLN:CA	0.45	2.65	11	1
1:A:228:TYR:OH	1:A:230:LEU:HD13	0.45	2.11	13	1
1:A:160:GLY:N	1:A:172:LEU:HG	0.45	2.26	6	1
1:A:190:LEU:CB	1:A:195:LEU:HA	0.45	2.40	14	1
1:A:153:ASP:CG	1:A:180:ALA:CB	0.45	2.85	12	1
1:A:181:LYS:C	1:A:182:GLN:CG	0.45	2.85	12	1
1:A:55:SER:N	1:A:83:ASP:O	0.45	2.50	8	1
1:A:154:VAL:CG1	1:A:236:LYS:HD2	0.45	2.41	1	1
1:A:143:GLU:HG3	1:A:211:HIS:HB3	0.45	1.88	16	1
1:A:166:ASP:C	1:A:166:ASP:OD1	0.45	2.54	2	1
1:A:38:LYS:HE2	1:A:78:LYS:CG	0.45	2.41	4	1
1:A:117:THR:O	1:A:118:GLU:CG	0.45	2.64	4	1
1:A:135:PHE:CD1	1:A:163:PHE:HE1	0.45	2.24	5	1
1:A:176:ILE:HG12	1:A:201:VAL:CB	0.45	2.41	7	1
1:A:149:LYS:NZ	1:A:235:GLU:HG3	0.45	2.24	7	1
1:A:131:ALA:C	1:A:132:LYS:HG3	0.45	2.31	14	1
1:A:108:SER:OG	1:A:143:GLU:OE1	0.45	2.35	14	1
1:A:220:TYR:N	1:A:220:TYR:CD1	0.45	2.83	12	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:105:TYR:OH	1:A:260:LYS:CB	0.45	2.65	9	1
1:A:175:THR:O	1:A:184:HIS:O	0.45	2.34	9	1
1:A:163:PHE:CZ	1:A:254:HIS:CE1	0.45	3.04	8	1
1:A:197:VAL:HB	1:A:218:VAL:CG1	0.45	2.41	8	1
1:A:199:LEU:HD23	1:A:218:VAL:HG13	0.45	1.84	17	1
1:A:101:GLU:N	1:A:116:GLN:O	0.45	2.49	5	10
1:A:147:PHE:CD2	1:A:203:TYR:HE2	0.45	2.29	10	1
1:A:209:LYS:H	1:A:211:HIS:CE1	0.45	2.30	10	2
1:A:54:LEU:CD2	1:A:63:TYR:CD2	0.45	3.00	10	1
1:A:159:ARG:O	1:A:159:ARG:CD	0.45	2.64	5	2
1:A:161:THR:O	1:A:258:ALA:N	0.45	2.49	7	5
1:A:196:ASN:C	1:A:220:TYR:CG	0.45	2.90	3	1
1:A:199:LEU:HD21	1:A:218:VAL:CG1	0.45	2.42	2	1
1:A:87:GLN:CD	1:A:97:LEU:CA	0.45	2.85	2	1
1:A:78:LYS:O	1:A:106:LYS:N	0.45	2.49	4	2
1:A:174:TYR:HE2	1:A:199:LEU:CD2	0.45	2.22	4	1
1:A:214:ILE:HG22	1:A:230:LEU:CD2	0.45	2.42	6	1
1:A:54:LEU:HG	1:A:61:LYS:O	0.45	2.11	14	1
1:A:113:THR:HB	1:A:138:GLY:HA3	0.45	1.88	1	2
1:A:181:LYS:HB2	1:A:204:ILE:HD13	0.45	1.88	1	1
1:A:214:ILE:N	1:A:230:LEU:O	0.45	2.49	1	1
1:A:121:GLN:HG3	1:A:129:MET:HA	0.45	1.88	16	1
1:A:178:PHE:CE2	1:A:181:LYS:HB2	0.45	2.46	10	1
1:A:214:ILE:HD12	1:A:232:ILE:HB	0.45	1.89	10	1
1:A:52:LEU:HB3	1:A:86:ARG:HA	0.45	1.89	11	13
1:A:199:LEU:HB2	1:A:218:VAL:HB	0.45	1.89	3	2
1:A:44:ASP:HB2	1:A:66:GLY:N	0.45	2.26	15	1
1:A:201:VAL:CG1	1:A:214:ILE:CG2	0.45	2.87	13	1
1:A:112:LEU:C	1:A:113:THR:CG2	0.45	2.83	4	1
1:A:117:THR:HB	1:A:134:ARG:CB	0.45	2.42	4	1
1:A:53:THR:OG1	1:A:62:THR:HA	0.45	2.11	4	1
1:A:69:LEU:HD13	1:A:69:LEU:C	0.45	2.31	4	1
1:A:168:ALA:O	1:A:190:LEU:HD23	0.45	2.12	6	1
1:A:146:SER:OG	1:A:210:HIS:HB2	0.45	2.12	14	1
1:A:156:ALA:HB1	1:A:203:TYR:HE2	0.45	1.62	1	1
1:A:239:GLU:CD	1:A:260:LYS:HB3	0.45	2.32	16	1
1:A:120:GLU:OE1	1:A:130:VAL:CG2	0.45	2.64	16	1
1:A:109:HIS:C	1:A:143:GLU:OE1	0.45	2.55	17	1
1:A:232:ILE:HB	1:A:240:VAL:CB	0.45	2.41	5	3
1:A:178:PHE:CD1	1:A:178:PHE:N	0.45	2.83	10	2
1:A:83:ASP:OD1	1:A:100:GLY:O	0.45	2.34	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:158:TYR:O	1:A:173:THR:HA	0.45	2.12	3	1
1:A:39:SER:O	1:A:40:LEU:CG	0.45	2.65	2	1
1:A:106:LYS:CG	1:A:111:ALA:HB2	0.45	2.41	11	1
1:A:207:ASP:CB	1:A:211:HIS:O	0.45	2.63	11	3
1:A:149:LYS:HB2	1:A:235:GLU:C	0.45	2.31	13	1
1:A:218:VAL:HG22	1:A:219:LEU:N	0.45	2.26	12	1
1:A:85:ILE:CG1	1:A:99:SER:CA	0.45	2.94	12	1
1:A:155:MET:HG3	1:A:177:ASP:OD1	0.45	2.09	9	1
1:A:147:PHE:CE2	1:A:178:PHE:HA	0.45	2.46	1	1
1:A:174:TYR:CE1	1:A:228:TYR:CZ	0.45	3.05	17	1
1:A:82:PHE:N	1:A:82:PHE:CD1	0.45	2.82	1	2
1:A:116:GLN:CB	1:A:135:PHE:CD2	0.45	2.98	10	1
1:A:168:ALA:CB	1:A:190:LEU:CD2	0.45	2.87	15	1
1:A:37:LEU:O	1:A:72:GLY:C	0.45	2.55	15	1
1:A:172:LEU:CD1	1:A:259:ALA:CB	0.45	2.88	11	1
1:A:77:ASP:CB	1:A:260:LYS:CG	0.45	2.94	11	1
1:A:90:VAL:HB	1:A:93:GLN:HG2	0.45	1.88	11	1
1:A:180:ALA:O	1:A:181:LYS:NZ	0.45	2.50	11	1
1:A:132:LYS:NZ	1:A:134:ARG:HD2	0.45	2.27	13	1
1:A:41:THR:HA	1:A:68:SER:CA	0.45	2.41	4	2
1:A:107:GLN:HB2	1:A:237:ALA:HB1	0.45	1.89	6	1
1:A:238:GLN:HB3	1:A:261:GLN:HB3	0.45	1.89	6	1
1:A:149:LYS:HE3	1:A:150:LEU:CB	0.45	2.41	9	1
1:A:153:ASP:OD1	1:A:181:LYS:HD3	0.45	2.11	8	2
1:A:148:ASP:OD1	1:A:210:HIS:HB2	0.45	2.11	17	1
1:A:221:ASN:O	1:A:221:ASN:ND2	0.45	2.50	17	1
1:A:84:PHE:HE2	1:A:102:PHE:CG	0.45	2.30	17	6
1:A:196:ASN:O	1:A:220:TYR:HB2	0.45	2.12	10	1
1:A:79:VAL:HG23	1:A:81:ARG:HD3	0.45	1.88	10	1
1:A:49:ASN:HA	1:A:88:ILE:HG12	0.45	1.88	10	1
1:A:144:HIS:CA	1:A:233:PHE:CB	0.45	2.95	12	3
1:A:201:VAL:HG23	1:A:215:SER:H	0.45	1.70	3	1
1:A:49:ASN:OD1	1:A:50:GLY:N	0.45	2.45	3	1
1:A:90:VAL:CG2	1:A:95:ILE:CD1	0.45	2.95	3	1
1:A:164:GLY:N	1:A:169:GLY:O	0.45	2.50	5	3
1:A:152:LYS:C	1:A:178:PHE:CE2	0.45	2.89	4	2
1:A:162:ALA:HB2	1:A:257:LEU:HA	0.45	1.88	5	2
1:A:54:LEU:HD12	1:A:63:TYR:CZ	0.45	2.47	7	1
1:A:54:LEU:HD11	1:A:82:PHE:CE1	0.45	2.46	7	1
1:A:30:LEU:CD2	1:A:38:LYS:HB2	0.45	2.28	6	1
1:A:26:LEU:HA	1:A:61:LYS:CB	0.45	2.42	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:239:GLU:HG2	1:A:240:VAL:N	0.45	2.27	14	1
1:A:246:VAL:HG23	1:A:255:ILE:HD11	0.45	1.89	14	1
1:A:44:ASP:O	1:A:44:ASP:CG	0.45	2.55	12	1
1:A:29:PRO:HA	1:A:70:ASN:HB2	0.45	1.89	1	1
1:A:149:LYS:O	1:A:150:LEU:HB3	0.45	2.12	2	4
1:A:148:ASP:CB	1:A:205:LYS:CG	0.45	2.95	6	2
1:A:137:ILE:CD1	1:A:163:PHE:HE2	0.45	2.23	3	1
1:A:147:PHE:CD1	1:A:150:LEU:CD1	0.45	2.85	2	1
1:A:31:ASP:CG	1:A:33:LYS:CE	0.45	2.85	2	1
1:A:165:SER:CB	1:A:254:HIS:HD2	0.45	2.22	13	3
1:A:178:PHE:N	1:A:178:PHE:CD1	0.45	2.84	4	2
1:A:38:LYS:CE	1:A:78:LYS:CG	0.45	2.95	4	1
1:A:247:GLU:OE1	1:A:252:ILE:CG1	0.45	2.65	5	1
1:A:176:ILE:HG23	1:A:183:GLY:N	0.45	2.26	7	1
1:A:209:LYS:C	1:A:210:HIS:CG	0.45	2.88	7	1
1:A:121:GLN:HG3	1:A:121:GLN:O	0.45	2.12	6	2
1:A:183:GLY:O	1:A:201:VAL:CG2	0.45	2.65	6	1
1:A:214:ILE:HD11	1:A:232:ILE:CA	0.45	2.42	9	1
1:A:34:ASP:HB2	1:A:38:LYS:HG2	0.45	1.89	1	2
1:A:202:ALA:CB	1:A:215:SER:O	0.45	2.65	16	1
1:A:167:ASP:CB	1:A:189:HIS:HB3	0.45	2.42	17	1
1:A:30:LEU:HD11	1:A:38:LYS:HD2	0.45	1.88	17	1
1:A:187:ILE:C	1:A:188:GLU:HG3	0.45	2.33	10	1
1:A:88:ILE:CD1	1:A:95:ILE:CG2	0.45	2.85	3	1
1:A:144:HIS:N	1:A:144:HIS:HD2	0.45	2.08	4	2
1:A:158:TYR:HB2	1:A:174:TYR:C	0.45	2.32	15	1
1:A:118:GLU:C	1:A:119:GLN:HG3	0.45	2.33	15	1
1:A:235:GLU:O	1:A:261:GLN:HA	0.45	2.12	9	2
1:A:26:LEU:HD11	1:A:56:ALA:CB	0.45	2.41	13	1
1:A:74:LEU:CD1	1:A:78:LYS:CA	0.45	2.95	4	1
1:A:98:GLU:CD	1:A:120:GLU:HG2	0.45	2.32	7	1
1:A:246:VAL:N	1:A:253:HIS:O	0.45	2.49	6	1
1:A:177:ASP:CB	1:A:182:GLN:CD	0.45	2.85	12	1
1:A:46:ILE:CD1	1:A:64:GLY:CA	0.45	2.95	1	1
1:A:208:GLU:C	1:A:209:LYS:HD2	0.45	2.31	1	1
1:A:23:ALA:O	1:A:59:ALA:HB3	0.45	2.12	16	1
1:A:30:LEU:HG	1:A:38:LYS:HB3	0.44	1.88	17	1
1:A:172:LEU:HB2	1:A:187:ILE:HA	0.44	1.87	10	2
1:A:207:ASP:CG	1:A:213:VAL:HA	0.44	2.31	10	1
1:A:177:ASP:O	1:A:178:PHE:C	0.44	2.54	2	5
1:A:246:VAL:CB	1:A:253:HIS:CD2	0.44	3.00	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:137:ILE:HG22	1:A:139:ASP:OD1	0.44	2.12	2	1
1:A:120:GLU:CD	1:A:132:LYS:HB2	0.44	2.32	6	2
1:A:112:LEU:HD11	1:A:239:GLU:OE1	0.44	2.12	11	2
1:A:94:LEU:C	1:A:95:ILE:HD12	0.44	2.33	11	1
1:A:230:LEU:HG	1:A:231:GLY:N	0.44	2.27	13	1
1:A:120:GLU:O	1:A:129:MET:CB	0.44	2.65	9	2
1:A:98:GLU:HG2	1:A:120:GLU:HA	0.44	1.89	14	2
1:A:82:PHE:O	1:A:102:PHE:CB	0.44	2.65	7	1
1:A:199:LEU:HB3	1:A:218:VAL:HA	0.44	1.88	7	1
1:A:102:PHE:CE1	1:A:115:LEU:HD21	0.44	2.47	12	2
1:A:148:ASP:CG	1:A:205:LYS:HE3	0.44	2.31	9	1
1:A:189:HIS:CB	1:A:190:LEU:HD23	0.44	2.38	9	1
1:A:204:ILE:HG13	1:A:213:VAL:HB	0.44	1.88	8	1
1:A:99:SER:O	1:A:117:THR:CG2	0.44	2.66	8	1
1:A:135:PHE:CD1	1:A:254:HIS:HE1	0.44	2.26	1	1
1:A:255:ILE:HD12	1:A:255:ILE:O	0.44	2.12	1	1
1:A:177:ASP:HB3	1:A:182:GLN:O	0.44	2.11	16	1
1:A:54:LEU:HD12	1:A:54:LEU:O	0.44	2.12	16	1
1:A:176:ILE:HD13	1:A:214:ILE:HG13	0.44	1.89	3	1
1:A:55:SER:OG	1:A:60:GLU:CB	0.44	2.65	3	1
1:A:149:LYS:HB2	1:A:235:GLU:HA	0.44	1.88	2	1
1:A:141:ALA:CB	1:A:144:HIS:CB	0.44	2.96	15	2
1:A:239:GLU:CD	1:A:260:LYS:HA	0.44	2.31	15	1
1:A:52:LEU:O	1:A:63:TYR:N	0.44	2.51	13	3
1:A:38:LYS:CE	1:A:78:LYS:HG3	0.44	2.42	4	1
1:A:49:ASN:N	1:A:49:ASN:HD22	0.44	2.10	4	2
1:A:135:PHE:CZ	1:A:254:HIS:HE1	0.44	2.29	4	1
1:A:147:PHE:CZ	1:A:178:PHE:HE1	0.44	2.22	7	1
1:A:187:ILE:HG22	1:A:197:VAL:CB	0.44	2.40	14	1
1:A:186:LYS:HE3	1:A:198:ASP:CA	0.44	2.42	12	1
1:A:51:THR:O	1:A:87:GLN:O	0.44	2.35	1	1
1:A:86:ARG:O	1:A:98:GLU:HG2	0.44	2.12	1	1
1:A:74:LEU:HA	1:A:78:LYS:HG3	0.44	1.89	1	1
1:A:199:LEU:CD2	1:A:228:TYR:CD1	0.44	3.00	17	3
1:A:233:PHE:HB2	1:A:239:GLU:CD	0.44	2.32	17	1
1:A:143:GLU:HB2	1:A:235:GLU:HB3	0.44	1.89	15	2
1:A:187:ILE:CG1	1:A:197:VAL:HG23	0.44	2.43	3	1
1:A:42:LEU:CD1	1:A:63:TYR:CE2	0.44	3.01	3	1
1:A:152:LYS:O	1:A:154:VAL:HG23	0.44	2.11	15	1
1:A:166:ASP:HB3	1:A:253:HIS:CB	0.44	2.42	15	1
1:A:220:TYR:HB2	1:A:224:GLU:CB	0.44	2.42	11	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:237:ALA:HB1	1:A:239:GLU:OE1	0.44	2.11	13	1
1:A:84:PHE:CZ	1:A:86:ARG:NH1	0.44	2.85	13	2
1:A:37:LEU:HD13	1:A:37:LEU:C	0.44	2.33	6	1
1:A:146:SER:O	1:A:149:LYS:CG	0.44	2.66	14	1
1:A:244:ALA:N	1:A:255:ILE:O	0.44	2.49	14	1
1:A:77:ASP:CA	1:A:260:LYS:CE	0.44	2.96	8	1
1:A:105:TYR:HB3	1:A:112:LEU:HB2	0.44	1.88	16	1
1:A:88:ILE:HD12	1:A:94:LEU:HD12	0.44	1.88	17	1
1:A:77:ASP:O	1:A:260:LYS:HE2	0.44	2.13	3	1
1:A:178:PHE:N	1:A:181:LYS:HD3	0.44	2.28	2	1
1:A:147:PHE:C	1:A:151:PRO:HG2	0.44	2.33	11	1
1:A:235:GLU:O	1:A:261:GLN:HB3	0.44	2.13	9	2
1:A:89:GLU:HA	1:A:95:ILE:HA	0.44	1.89	11	1
1:A:90:VAL:CB	1:A:93:GLN:HB3	0.44	2.42	11	1
1:A:230:LEU:HB2	1:A:242:GLY:HA3	0.44	1.88	13	2
1:A:75:LYS:HB2	1:A:78:LYS:HD3	0.44	1.89	13	1
1:A:151:PRO:HB3	1:A:179:ALA:HB2	0.44	1.87	4	1
1:A:172:LEU:HD21	1:A:257:LEU:CD2	0.44	2.40	4	1
1:A:47:SER:O	1:A:65:ASN:HB2	0.44	2.13	12	3
1:A:94:LEU:O	1:A:95:ILE:HG12	0.44	2.12	5	1
1:A:246:VAL:O	1:A:253:HIS:N	0.44	2.47	6	1
1:A:69:LEU:CD2	1:A:71:THR:HG21	0.44	2.41	14	1
1:A:255:ILE:CD1	1:A:255:ILE:N	0.44	2.79	12	1
1:A:172:LEU:CD1	1:A:174:TYR:CD1	0.44	3.00	9	1
1:A:133:ARG:O	1:A:133:ARG:HG3	0.44	2.12	9	1
1:A:135:PHE:N	1:A:135:PHE:CD1	0.44	2.83	17	1
1:A:148:ASP:HA	1:A:151:PRO:HG3	0.44	1.89	10	2
1:A:153:ASP:CA	1:A:178:PHE:CD1	0.44	3.00	10	1
1:A:204:ILE:HG22	1:A:205:LYS:H	0.44	1.72	10	1
1:A:197:VAL:HG12	1:A:218:VAL:CG2	0.44	2.42	3	2
1:A:86:ARG:NH1	1:A:98:GLU:CG	0.44	2.80	15	1
1:A:90:VAL:HG11	1:A:93:GLN:HG3	0.44	1.88	5	2
1:A:176:ILE:HD11	1:A:232:ILE:HD11	0.44	1.88	13	1
1:A:137:ILE:HG13	1:A:139:ASP:OD2	0.44	2.12	5	1
1:A:165:SER:HB2	1:A:254:HIS:NE2	0.44	2.28	5	1
1:A:147:PHE:CG	1:A:178:PHE:CE2	0.44	3.05	7	1
1:A:176:ILE:CG1	1:A:201:VAL:CG1	0.44	2.96	7	1
1:A:29:PRO:O	1:A:30:LEU:HB3	0.44	2.11	6	1
1:A:112:LEU:HA	1:A:139:ASP:HB2	0.44	1.88	16	1
1:A:207:ASP:HA	1:A:213:VAL:HB	0.44	1.89	10	1
1:A:207:ASP:HA	1:A:213:VAL:CB	0.44	2.43	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:121:GLN:HG2	1:A:129:MET:HA	0.44	1.89	3	2
1:A:171:LYS:O	1:A:187:ILE:CB	0.44	2.65	3	1
1:A:103:GLN:NE2	1:A:103:GLN:C	0.44	2.71	2	1
1:A:178:PHE:CG	1:A:179:ALA:N	0.44	2.85	2	1
1:A:228:TYR:CE1	1:A:257:LEU:HD11	0.44	2.47	11	1
1:A:226:GLY:HA3	1:A:246:VAL:CA	0.44	2.42	13	1
1:A:159:ARG:CG	1:A:159:ARG:O	0.44	2.66	13	1
1:A:230:LEU:HG	1:A:241:ALA:C	0.44	2.33	4	1
1:A:234:GLY:HA2	1:A:238:GLN:CB	0.44	2.38	4	1
1:A:87:GLN:NE2	1:A:97:LEU:CD2	0.44	2.76	5	1
1:A:199:LEU:CD1	1:A:228:TYR:CG	0.44	2.80	6	1
1:A:53:THR:HG21	1:A:60:GLU:OE1	0.44	2.13	14	1
1:A:81:ARG:HD3	1:A:81:ARG:O	0.44	2.12	14	1
1:A:179:ALA:CB	1:A:205:LYS:CD	0.44	2.96	9	1
1:A:240:VAL:HG13	1:A:259:ALA:HB3	0.44	1.89	9	1
1:A:105:TYR:CB	1:A:112:LEU:CG	0.44	2.96	1	1
1:A:147:PHE:CE2	1:A:232:ILE:CG1	0.44	3.00	16	1
1:A:79:VAL:HB	1:A:105:TYR:CZ	0.44	2.48	10	1
1:A:197:VAL:CG2	1:A:224:GLU:CD	0.44	2.86	10	2
1:A:226:GLY:CA	1:A:246:VAL:HA	0.44	2.43	9	9
1:A:255:ILE:CD1	1:A:255:ILE:H	0.44	2.26	11	6
1:A:83:ASP:HB2	1:A:101:GLU:OE2	0.44	2.13	10	1
1:A:149:LYS:CE	1:A:234:GLY:O	0.44	2.66	3	1
1:A:88:ILE:CB	1:A:95:ILE:HD13	0.44	2.41	3	1
1:A:145:THR:HG22	1:A:238:GLN:OE1	0.44	2.13	11	1
1:A:145:THR:CB	1:A:235:GLU:OE1	0.44	2.66	13	1
1:A:135:PHE:CD1	1:A:163:PHE:HZ	0.44	2.29	13	1
1:A:213:VAL:C	1:A:214:ILE:HG12	0.44	2.33	13	1
1:A:162:ALA:O	1:A:163:PHE:CD2	0.44	2.71	4	1
1:A:150:LEU:HD22	1:A:238:GLN:OE1	0.44	2.13	5	1
1:A:42:LEU:HD11	1:A:69:LEU:HD12	0.44	1.89	7	1
1:A:74:LEU:CD1	1:A:106:LYS:HB2	0.44	2.43	6	1
1:A:150:LEU:HD11	1:A:178:PHE:CE2	0.44	2.48	14	1
1:A:158:TYR:CB	1:A:174:TYR:CB	0.44	2.96	9	1
1:A:179:ALA:HB1	1:A:205:LYS:CD	0.44	2.35	9	1
1:A:100:GLY:HA2	1:A:117:THR:HA	0.44	1.88	8	2
1:A:39:SER:CB	1:A:70:ASN:CA	0.44	2.95	16	2
1:A:133:ARG:CG	1:A:133:ARG:O	0.44	2.65	9	1
1:A:144:HIS:CB	1:A:211:HIS:CD2	0.44	3.01	8	1
1:A:158:TYR:CD2	1:A:176:ILE:HD12	0.44	2.48	16	1
1:A:118:GLU:HG3	1:A:119:GLN:HG3	0.44	1.89	16	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:110:SER:HG	1:A:141:ALA:C	0.44	2.15	10	1
1:A:219:LEU:CG	1:A:225:LYS:HA	0.44	2.43	10	1
1:A:96:THR:HG23	1:A:121:GLN:O	0.44	2.13	3	1
1:A:94:LEU:HD23	1:A:94:LEU:H	0.44	1.73	3	1
1:A:189:HIS:C	1:A:189:HIS:CD2	0.44	2.91	2	1
1:A:189:HIS:H	1:A:196:ASN:ND2	0.44	2.09	2	1
1:A:144:HIS:HB2	1:A:235:GLU:CB	0.44	2.43	2	1
1:A:168:ALA:HB2	1:A:190:LEU:HB3	0.44	1.90	15	1
1:A:105:TYR:CZ	1:A:258:ALA:HB1	0.44	2.48	11	1
1:A:118:GLU:HG3	1:A:119:GLN:N	0.44	2.28	13	1
1:A:246:VAL:O	1:A:246:VAL:CG1	0.44	2.66	4	1
1:A:76:ASN:C	1:A:77:ASP:CG	0.44	2.76	7	1
1:A:140:ILE:HD12	1:A:144:HIS:NE2	0.44	2.27	1	1
1:A:159:ARG:HB2	1:A:173:THR:CG2	0.44	2.43	1	1
1:A:140:ILE:HG12	1:A:140:ILE:O	0.44	2.11	17	1
1:A:97:LEU:N	1:A:98:GLU:OE2	0.44	2.44	17	1
1:A:49:ASN:CA	1:A:88:ILE:HG12	0.44	2.43	10	1
1:A:79:VAL:HG22	1:A:81:ARG:NE	0.44	2.28	10	1
1:A:196:ASN:C	1:A:220:TYR:CD1	0.44	2.92	3	1
1:A:238:GLN:HB2	1:A:261:GLN:HA	0.44	1.90	3	1
1:A:55:SER:CA	1:A:60:GLU:CB	0.44	2.96	13	3
1:A:78:LYS:HE2	1:A:106:LYS:CD	0.44	2.43	4	1
1:A:230:LEU:HG	1:A:242:GLY:N	0.44	2.28	4	1
1:A:197:VAL:HB	1:A:219:LEU:C	0.44	2.33	5	1
1:A:79:VAL:HB	1:A:105:TYR:CD2	0.44	2.47	7	1
1:A:181:LYS:HA	1:A:203:TYR:H	0.44	1.73	7	2
1:A:54:LEU:HD11	1:A:82:PHE:CZ	0.44	2.48	7	1
1:A:24:ASP:HA	1:A:28:ALA:CB	0.44	2.36	7	1
1:A:161:THR:N	1:A:172:LEU:HD23	0.44	2.28	6	1
1:A:142:GLY:HA2	1:A:211:HIS:NE2	0.44	2.28	9	1
1:A:84:PHE:CD1	1:A:102:PHE:HD2	0.44	2.30	1	1
1:A:152:LYS:C	1:A:154:VAL:N	0.43	2.72	17	2
1:A:205:LYS:HD2	1:A:205:LYS:O	0.43	2.13	17	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:142:GLY:CA	0.43	2.66	10	1
1:A:172:LEU:HD21	1:A:258:ALA:C	0.43	2.34	6	2
1:A:110:SER:CB	1:A:142:GLY:HA3	0.43	2.43	11	1
1:A:115:LEU:O	1:A:135:PHE:HB2	0.43	2.12	13	1
1:A:209:LYS:HB3	1:A:210:HIS:NE2	0.43	2.28	4	1
1:A:38:LYS:CD	1:A:78:LYS:CD	0.43	2.95	4	1
1:A:113:THR:O	1:A:137:ILE:HD12	0.43	2.13	5	1
1:A:42:LEU:CB	1:A:45:SER:HB3	0.43	2.43	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:184:HIS:HA	1:A:201:VAL:N	0.43	2.28	7	1
1:A:34:ASP:C	1:A:36:GLY:N	0.43	2.70	6	1
1:A:39:SER:C	1:A:40:LEU:CD1	0.43	2.70	12	1
1:A:150:LEU:N	1:A:151:PRO:HD2	0.43	2.28	9	1
1:A:153:ASP:OD1	1:A:181:LYS:NZ	0.43	2.51	9	1
1:A:101:GLU:HB2	1:A:116:GLN:HB3	0.43	1.91	9	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:239:GLU:HB3	0.43	2.12	8	1
1:A:197:VAL:CA	1:A:220:TYR:CD1	0.43	2.98	8	1
1:A:146:SER:N	1:A:211:HIS:HA	0.43	2.28	1	1
1:A:203:TYR:HA	1:A:214:ILE:CD1	0.43	2.43	3	1
1:A:84:PHE:CD2	1:A:102:PHE:HD2	0.43	2.31	14	4
1:A:106:LYS:CE	1:A:111:ALA:CB	0.43	2.96	15	1
1:A:116:GLN:NE2	1:A:164:GLY:O	0.43	2.51	13	1
1:A:81:ARG:HB3	1:A:103:GLN:HA	0.43	1.90	13	1
1:A:88:ILE:HD12	1:A:96:THR:CG2	0.43	2.42	4	1
1:A:147:PHE:HB2	1:A:203:TYR:CZ	0.43	2.48	5	1
1:A:163:PHE:N	1:A:256:GLY:O	0.43	2.49	16	3
1:A:177:ASP:HB3	1:A:182:GLN:HG3	0.43	1.90	12	1
1:A:91:ASP:OD1	1:A:91:ASP:O	0.43	2.35	12	1
1:A:172:LEU:HD12	1:A:174:TYR:HD1	0.43	1.73	9	1
1:A:203:TYR:CE2	1:A:232:ILE:HD12	0.43	2.48	9	1
1:A:46:ILE:CG2	1:A:49:ASN:HD22	0.43	2.21	1	1
1:A:248:THR:CG2	1:A:249:ALA:N	0.43	2.81	16	3
1:A:49:ASN:HD22	1:A:50:GLY:N	0.43	2.11	16	2
1:A:90:VAL:N	1:A:93:GLN:O	0.43	2.52	3	1
1:A:120:GLU:HG3	1:A:132:LYS:HB2	0.43	1.89	2	1
1:A:204:ILE:HG22	1:A:206:PRO:HD2	0.43	1.90	2	3
1:A:163:PHE:O	1:A:255:ILE:HG22	0.43	2.14	15	1
1:A:166:ASP:CB	1:A:253:HIS:HB3	0.43	2.43	15	2
1:A:75:LYS:HB2	1:A:78:LYS:HG3	0.43	1.90	15	1
1:A:38:LYS:C	1:A:72:GLY:HA2	0.43	2.34	15	1
1:A:147:PHE:CE2	1:A:203:TYR:HE2	0.43	2.31	4	1
1:A:43:GLU:O	1:A:44:ASP:HB3	0.43	2.14	4	1
1:A:181:LYS:CA	1:A:203:TYR:N	0.43	2.82	7	1
1:A:227:SER:HB2	1:A:245:GLU:HB2	0.43	1.88	6	1
1:A:158:TYR:OH	1:A:233:PHE:O	0.43	2.35	9	1
1:A:198:ASP:OD2	1:A:220:TYR:HA	0.43	2.13	9	1
1:A:214:ILE:CG1	1:A:232:ILE:HG22	0.43	2.44	9	1
1:A:177:ASP:HB2	1:A:181:LYS:HB2	0.43	1.89	8	1
1:A:223:ASP:OD2	1:A:224:GLU:HG2	0.43	2.14	8	1
1:A:147:PHE:CG	1:A:203:TYR:HE1	0.43	2.26	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:176:ILE:HG22	1:A:203:TYR:CD1	0.43	2.46	16	1
1:A:150:LEU:CD1	1:A:178:PHE:CD1	0.43	3.01	17	1
1:A:172:LEU:HA	1:A:188:GLU:OE2	0.43	2.12	17	1
1:A:88:ILE:CD1	1:A:94:LEU:CD1	0.43	2.96	10	1
1:A:95:ILE:O	1:A:97:LEU:HG	0.43	2.13	3	1
1:A:55:SER:OG	1:A:60:GLU:HB3	0.43	2.12	12	3
1:A:121:GLN:C	1:A:130:VAL:CG2	0.43	2.87	2	2
1:A:85:ILE:HG12	1:A:87:GLN:HG3	0.43	1.91	5	2
1:A:232:ILE:HG13	1:A:240:VAL:CG2	0.43	2.20	15	1
1:A:107:GLN:OE1	1:A:143:GLU:N	0.43	2.51	11	1
1:A:93:GLN:OE1	1:A:94:LEU:CB	0.43	2.65	11	1
1:A:210:HIS:CE1	1:A:211:HIS:HE1	0.43	2.32	13	1
1:A:101:GLU:HB2	1:A:116:GLN:CB	0.43	2.44	5	1
1:A:176:ILE:HD13	1:A:214:ILE:HD12	0.43	1.89	7	1
1:A:150:LEU:CD2	1:A:151:PRO:N	0.43	2.80	8	2
1:A:199:LEU:HA	1:A:218:VAL:HG23	0.43	1.91	12	1
1:A:151:PRO:HA	1:A:152:LYS:HD2	0.43	1.89	8	1
1:A:133:ARG:HG2	1:A:165:SER:O	0.43	2.13	1	1
1:A:171:LYS:CG	1:A:189:HIS:ND1	0.43	2.81	1	1
1:A:233:PHE:HB2	1:A:239:GLU:HG3	0.43	1.89	17	1
1:A:148:ASP:O	1:A:148:ASP:OD1	0.43	2.36	10	1
1:A:145:THR:CG2	1:A:145:THR:O	0.43	2.67	3	2
1:A:149:LYS:HB3	1:A:235:GLU:CG	0.43	2.44	2	1
1:A:145:THR:HG22	1:A:211:HIS:HB3	0.43	1.90	2	1
1:A:135:PHE:CD1	1:A:135:PHE:C	0.43	2.91	11	3
1:A:145:THR:CB	1:A:233:PHE:CA	0.43	2.94	4	1
1:A:230:LEU:HD11	1:A:242:GLY:C	0.43	2.33	4	1
1:A:70:ASN:ND2	1:A:70:ASN:C	0.43	2.72	4	1
1:A:254:HIS:O	1:A:254:HIS:CG	0.43	2.71	4	1
1:A:154:VAL:HG12	1:A:178:PHE:CD2	0.43	2.49	6	1
1:A:166:ASP:HB3	1:A:253:HIS:ND1	0.43	2.28	6	1
1:A:130:VAL:HG12	1:A:131:ALA:H	0.43	1.72	14	1
1:A:105:TYR:HB3	1:A:112:LEU:CD2	0.43	2.44	1	1
1:A:39:SER:C	1:A:40:LEU:CG	0.43	2.87	10	1
1:A:162:ALA:CB	1:A:172:LEU:HD13	0.43	2.35	15	1
1:A:239:GLU:CG	1:A:259:ALA:O	0.43	2.67	15	1
1:A:210:HIS:CG	1:A:211:HIS:CD2	0.43	3.06	11	1
1:A:234:GLY:HA3	1:A:238:GLN:HG3	0.43	1.90	11	1
1:A:150:LEU:O	1:A:152:LYS:HD2	0.43	2.14	13	1
1:A:38:LYS:HB2	1:A:72:GLY:HA2	0.43	1.90	4	1
1:A:159:ARG:N	1:A:159:ARG:HE	0.43	2.12	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:92:GLY:O	1:A:93:GLN:NE2	0.43	2.51	5	1
1:A:212:ALA:HB1	1:A:232:ILE:HG23	0.43	1.87	6	1
1:A:20:THR:CG2	1:A:57:GLN:HG2	0.43	2.44	14	1
1:A:156:ALA:HB2	1:A:178:PHE:HE2	0.43	1.61	12	1
1:A:162:ALA:CA	1:A:170:GLY:O	0.43	2.66	12	1
1:A:115:LEU:CD2	1:A:136:ARG:HD3	0.43	2.43	9	1
1:A:22:LEU:HD21	1:A:57:GLN:NE2	0.43	2.29	9	1
1:A:110:SER:HG	1:A:239:GLU:CD	0.43	2.16	8	1
1:A:175:THR:O	1:A:183:GLY:HA2	0.43	2.14	1	1
1:A:145:THR:O	1:A:145:THR:HG23	0.43	2.13	16	1
1:A:101:GLU:HB3	1:A:116:GLN:HB3	0.43	1.89	17	1
1:A:247:GLU:HG2	1:A:252:ILE:HA	0.43	1.91	10	1
1:A:82:PHE:CE1	1:A:84:PHE:CD2	0.43	3.06	3	1
1:A:88:ILE:HG22	1:A:89:GLU:H	0.43	1.73	3	1
1:A:207:ASP:CG	1:A:213:VAL:CG2	0.43	2.87	2	1
1:A:230:LEU:CD2	1:A:242:GLY:HA3	0.43	2.44	2	1
1:A:81:ARG:NE	1:A:81:ARG:H	0.43	2.12	2	1
1:A:230:LEU:CD2	1:A:257:LEU:HD13	0.43	2.44	15	1
1:A:46:ILE:C	1:A:65:ASN:OD1	0.43	2.57	15	1
1:A:112:LEU:HA	1:A:140:ILE:HG13	0.43	1.91	11	1
1:A:26:LEU:HD13	1:A:56:ALA:CB	0.43	2.44	11	1
1:A:156:ALA:HB3	1:A:158:TYR:HE1	0.43	1.73	13	1
1:A:230:LEU:CD2	1:A:231:GLY:N	0.43	2.81	13	1
1:A:39:SER:OG	1:A:69:LEU:O	0.43	2.35	13	1
1:A:158:TYR:CD2	1:A:240:VAL:HG12	0.43	2.49	5	1
1:A:101:GLU:O	1:A:116:GLN:N	0.43	2.50	5	2
1:A:79:VAL:N	1:A:105:TYR:CZ	0.43	2.86	7	1
1:A:184:HIS:CG	1:A:200:ALA:HA	0.43	2.48	14	1
1:A:174:TYR:HE2	1:A:199:LEU:CD1	0.43	2.23	8	1
1:A:238:GLN:O	1:A:239:GLU:HG3	0.43	2.14	1	1
1:A:52:LEU:HD12	1:A:52:LEU:O	0.43	2.14	1	1
1:A:146:SER:CB	1:A:210:HIS:ND1	0.43	2.81	17	1
1:A:140:ILE:HD13	1:A:141:ALA:O	0.43	2.13	10	1
1:A:39:SER:HB2	1:A:70:ASN:HB3	0.43	1.90	10	1
1:A:112:LEU:HB2	1:A:139:ASP:HA	0.43	1.89	11	1
1:A:135:PHE:CE2	1:A:163:PHE:HZ	0.43	2.30	13	1
1:A:82:PHE:C	1:A:82:PHE:CD1	0.43	2.92	7	1
1:A:203:TYR:CD1	1:A:214:ILE:HG13	0.43	2.47	8	2
1:A:165:SER:HB3	1:A:253:HIS:HB2	0.43	1.89	14	1
1:A:116:GLN:CB	1:A:135:PHE:CE2	0.43	3.01	12	1
1:A:164:GLY:HA2	1:A:255:ILE:HG22	0.43	1.90	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:42:LEU:H	1:A:42:LEU:HD12	0.43	1.71	9	1
1:A:199:LEU:HD21	1:A:228:TYR:HB2	0.43	1.89	8	1
1:A:156:ALA:O	1:A:157:THR:C	0.43	2.57	16	1
1:A:88:ILE:CD1	1:A:94:LEU:HD12	0.43	2.44	17	2
1:A:189:HIS:CD2	1:A:189:HIS:H	0.43	2.31	10	1
1:A:144:HIS:HA	1:A:233:PHE:HB3	0.43	1.88	12	2
1:A:106:LYS:HE2	1:A:111:ALA:HB1	0.43	1.90	15	1
1:A:242:GLY:O	1:A:257:LEU:N	0.43	2.49	14	2
1:A:184:HIS:CD2	1:A:185:GLY:O	0.43	2.72	7	1
1:A:140:ILE:O	1:A:141:ALA:HB2	0.43	2.13	6	1
1:A:220:TYR:HB2	1:A:224:GLU:OE1	0.43	2.14	14	1
1:A:163:PHE:O	1:A:163:PHE:CG	0.43	2.70	8	2
1:A:110:SER:OG	1:A:142:GLY:N	0.43	2.52	12	1
1:A:198:ASP:CG	1:A:219:LEU:O	0.43	2.57	9	1
1:A:84:PHE:HE1	1:A:102:PHE:CB	0.43	2.26	1	1
1:A:183:GLY:HA3	1:A:201:VAL:HB	0.43	1.90	1	1
1:A:154:VAL:HG11	1:A:236:LYS:HB2	0.43	1.89	1	1
1:A:233:PHE:C	1:A:239:GLU:CG	0.43	2.87	17	1
1:A:162:ALA:HB2	1:A:172:LEU:HD23	0.43	1.91	10	2
1:A:106:LYS:CE	1:A:111:ALA:HB2	0.43	2.43	15	2
1:A:156:ALA:HB1	1:A:178:PHE:CZ	0.43	2.43	3	1
1:A:164:GLY:CA	1:A:167:ASP:HB2	0.43	2.43	11	1
1:A:178:PHE:HZ	1:A:181:LYS:CE	0.43	2.23	11	1
1:A:147:PHE:CE1	1:A:205:LYS:CA	0.43	3.02	13	1
1:A:158:TYR:CE1	1:A:176:ILE:CD1	0.43	3.02	13	1
1:A:174:TYR:HE2	1:A:228:TYR:CZ	0.43	2.32	4	1
1:A:230:LEU:CG	1:A:242:GLY:CA	0.43	2.96	4	1
1:A:89:GLU:CB	1:A:95:ILE:HD13	0.43	2.43	5	1
1:A:181:LYS:HD3	1:A:204:ILE:HG13	0.43	1.90	14	1
1:A:44:ASP:C	1:A:46:ILE:N	0.43	2.73	14	1
1:A:158:TYR:CZ	1:A:240:VAL:CG1	0.43	3.01	9	1
1:A:218:VAL:CG1	1:A:226:GLY:CA	0.43	2.97	1	1
1:A:188:GLU:HA	1:A:196:ASN:HB3	0.42	1.90	10	1
1:A:51:THR:HG22	1:A:64:GLY:HA2	0.42	1.91	3	1
1:A:88:ILE:HG22	1:A:95:ILE:HD13	0.42	1.90	3	1
1:A:112:LEU:C	1:A:139:ASP:OD1	0.42	2.58	15	1
1:A:172:LEU:CD2	1:A:257:LEU:HD23	0.42	2.41	4	1
1:A:84:PHE:CE1	1:A:86:ARG:CD	0.42	3.02	5	1
1:A:137:ILE:CD1	1:A:163:PHE:CZ	0.42	3.01	7	1
1:A:42:LEU:HB2	1:A:66:GLY:O	0.42	2.14	7	1
1:A:105:TYR:CB	1:A:112:LEU:CD1	0.42	2.97	14	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:150:LEU:HD11	1:A:178:PHE:CZ	0.42	2.49	14	1
1:A:46:ILE:HD12	1:A:67:ASP:CG	0.42	2.34	14	1
1:A:196:ASN:C	1:A:197:VAL:HG23	0.42	2.33	12	1
1:A:221:ASN:HB3	1:A:224:GLU:HG2	0.42	1.89	12	1
1:A:220:TYR:OH	1:A:246:VAL:HG11	0.42	2.13	12	1
1:A:98:GLU:HB2	1:A:120:GLU:CG	0.42	2.45	1	1
1:A:84:PHE:CE2	1:A:102:PHE:CG	0.42	3.07	16	2
1:A:246:VAL:CG1	1:A:253:HIS:HD2	0.42	2.23	15	1
1:A:73:LYS:CG	1:A:74:LEU:N	0.42	2.82	11	1
1:A:228:TYR:CD1	1:A:229:SER:N	0.42	2.87	13	1
1:A:164:GLY:CA	1:A:255:ILE:CG2	0.42	2.96	4	1
1:A:98:GLU:HG2	1:A:120:GLU:HB3	0.42	1.90	5	1
1:A:147:PHE:HE2	1:A:203:TYR:CE1	0.42	2.24	7	1
1:A:154:VAL:CB	1:A:178:PHE:HD2	0.42	2.27	6	1
1:A:169:GLY:HA2	1:A:187:ILE:CD1	0.42	2.44	6	1
1:A:190:LEU:H	1:A:195:LEU:CA	0.42	2.27	14	1
1:A:57:GLN:O	1:A:57:GLN:HG2	0.42	2.13	14	1
1:A:169:GLY:HA3	1:A:189:HIS:CD2	0.42	2.49	9	1
1:A:199:LEU:HD11	1:A:228:TYR:OH	0.42	2.13	9	1
1:A:233:PHE:HB3	1:A:238:GLN:HG2	0.42	1.91	9	1
1:A:107:GLN:HG3	1:A:111:ALA:HA	0.42	1.90	16	1
1:A:30:LEU:CD1	1:A:38:LYS:HB2	0.42	2.42	17	1
1:A:147:PHE:HE2	1:A:203:TYR:CD2	0.42	2.32	2	1
1:A:165:SER:C	1:A:167:ASP:N	0.42	2.72	14	4
1:A:147:PHE:CZ	1:A:232:ILE:HG21	0.42	2.48	15	1
1:A:147:PHE:CZ	1:A:158:TYR:OH	0.42	2.70	11	1
1:A:81:ARG:HB3	1:A:103:GLN:HG2	0.42	1.91	13	1
1:A:129:MET:CA	1:A:129:MET:HE2	0.42	2.42	7	1
1:A:172:LEU:HD21	1:A:259:ALA:N	0.42	2.30	6	1
1:A:164:GLY:HA2	1:A:255:ILE:CG2	0.42	2.44	14	1
1:A:252:ILE:N	1:A:252:ILE:CD1	0.42	2.80	14	1
1:A:199:LEU:HD21	1:A:228:TYR:CG	0.42	2.50	8	2
1:A:183:GLY:CA	1:A:201:VAL:HB	0.42	2.44	1	1
1:A:235:GLU:C	1:A:236:LYS:CG	0.42	2.86	1	1
1:A:83:ASP:CG	1:A:100:GLY:O	0.42	2.58	17	1
1:A:74:LEU:HD22	1:A:106:LYS:HD3	0.42	1.91	3	1
1:A:81:ARG:HG2	1:A:81:ARG:NH1	0.42	2.28	3	1
1:A:105:TYR:HB3	1:A:239:GLU:OE1	0.42	2.13	11	1
1:A:105:TYR:HD2	1:A:161:THR:HG22	0.42	1.74	13	1
1:A:174:TYR:CE1	1:A:184:HIS:CA	0.42	3.02	4	1
1:A:230:LEU:CG	1:A:242:GLY:N	0.42	2.81	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:74:LEU:HD11	1:A:78:LYS:CG	0.42	2.43	4	1
1:A:107:GLN:CD	1:A:238:GLN:CD	0.42	2.78	7	1
1:A:170:GLY:HA2	1:A:190:LEU:HA	0.42	1.90	14	1
1:A:201:VAL:HG13	1:A:216:GLY:CA	0.42	2.43	14	1
1:A:244:ALA:CA	1:A:255:ILE:HD12	0.42	2.43	14	1
1:A:172:LEU:HA	1:A:186:LYS:O	0.42	2.14	12	1
1:A:141:ALA:HB3	1:A:233:PHE:CZ	0.42	2.49	9	1
1:A:156:ALA:HB3	1:A:176:ILE:O	0.42	2.14	8	1
1:A:218:VAL:O	1:A:226:GLY:N	0.42	2.50	3	3
1:A:163:PHE:CE2	1:A:168:ALA:HA	0.42	2.50	10	1
1:A:161:THR:CB	1:A:170:GLY:O	0.42	2.67	15	1
1:A:141:ALA:CB	1:A:211:HIS:CE1	0.42	3.02	11	1
1:A:164:GLY:CA	1:A:189:HIS:HE1	0.42	2.23	11	1
1:A:89:GLU:CA	1:A:95:ILE:HA	0.42	2.43	11	1
1:A:120:GLU:CG	1:A:132:LYS:CG	0.42	2.97	13	1
1:A:139:ASP:O	1:A:140:ILE:HB	0.42	2.13	13	1
1:A:187:ILE:C	1:A:188:GLU:CG	0.42	2.86	4	1
1:A:102:PHE:CD1	1:A:104:VAL:HG22	0.42	2.49	7	1
1:A:147:PHE:CD2	1:A:178:PHE:CZ	0.42	3.05	7	1
1:A:184:HIS:CB	1:A:200:ALA:HA	0.42	2.44	7	1
1:A:107:GLN:HE22	1:A:238:GLN:NE2	0.42	2.13	7	1
1:A:99:SER:O	1:A:118:GLU:HG3	0.42	2.15	6	1
1:A:155:MET:O	1:A:155:MET:HG2	0.42	2.13	6	1
1:A:203:TYR:HE1	1:A:232:ILE:HG21	0.42	1.74	6	1
1:A:71:THR:CB	1:A:74:LEU:HD12	0.42	2.40	14	1
1:A:158:TYR:O	1:A:173:THR:HG23	0.42	2.13	8	1
1:A:39:SER:CB	1:A:70:ASN:HB2	0.42	2.44	16	1
1:A:188:GLU:HA	1:A:196:ASN:CB	0.42	2.45	10	1
1:A:88:ILE:CD1	1:A:94:LEU:CB	0.42	2.97	10	1
1:A:176:ILE:CG2	1:A:184:HIS:N	0.42	2.73	3	1
1:A:146:SER:OG	1:A:210:HIS:CG	0.42	2.73	2	1
1:A:93:GLN:CD	1:A:94:LEU:H	0.42	2.17	11	1
1:A:135:PHE:CE1	1:A:163:PHE:HZ	0.42	2.33	13	1
1:A:148:ASP:CA	1:A:205:LYS:HD2	0.42	2.45	4	1
1:A:201:VAL:HG13	1:A:215:SER:H	0.42	1.73	4	1
1:A:84:PHE:HE2	1:A:102:PHE:CD1	0.42	2.33	4	1
1:A:98:GLU:HG2	1:A:120:GLU:HG2	0.42	1.90	7	1
1:A:20:THR:C	1:A:22:LEU:N	0.42	2.73	7	1
1:A:108:SER:OG	1:A:237:ALA:HB2	0.42	2.15	14	1
1:A:107:GLN:CD	1:A:110:SER:CB	0.42	2.88	9	1
1:A:48:GLN:CG	1:A:49:ASN:HD21	0.42	2.27	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:54:LEU:HD23	1:A:63:TYR:HD1	0.42	1.66	1	1
1:A:97:LEU:O	1:A:121:GLN:CB	0.42	2.68	9	3
1:A:221:ASN:O	1:A:222:GLN:HB3	0.42	2.14	3	2
1:A:97:LEU:H	1:A:97:LEU:HD12	0.42	1.64	3	1
1:A:171:LYS:CG	1:A:189:HIS:CE1	0.42	3.00	15	1
1:A:147:PHE:CE1	1:A:232:ILE:HG13	0.42	2.47	11	1
1:A:259:ALA:C	1:A:260:LYS:HE2	0.42	2.33	11	1
1:A:199:LEU:HD21	1:A:228:TYR:CD2	0.42	2.50	13	1
1:A:239:GLU:O	1:A:240:VAL:HG23	0.42	2.14	13	1
1:A:39:SER:OG	1:A:40:LEU:N	0.42	2.53	13	1
1:A:24:ASP:CA	1:A:28:ALA:HB3	0.42	2.42	13	1
1:A:197:VAL:HG23	1:A:218:VAL:CG2	0.42	2.45	5	1
1:A:186:LYS:HE3	1:A:188:GLU:CD	0.42	2.35	7	1
1:A:54:LEU:CD1	1:A:82:PHE:CZ	0.42	3.02	7	1
1:A:54:LEU:CD2	1:A:84:PHE:CB	0.42	2.97	7	3
1:A:214:ILE:HG21	1:A:230:LEU:HD21	0.42	1.88	6	1
1:A:142:GLY:O	1:A:144:HIS:N	0.42	2.47	6	1
1:A:156:ALA:HB2	1:A:238:GLN:OE1	0.42	2.15	14	1
1:A:54:LEU:CD2	1:A:61:LYS:O	0.42	2.68	14	1
1:A:98:GLU:HG2	1:A:120:GLU:HB2	0.42	1.90	14	1
1:A:186:LYS:HG2	1:A:198:ASP:HA	0.42	1.91	12	1
1:A:26:LEU:H	1:A:26:LEU:CD1	0.42	2.27	9	1
1:A:84:PHE:CD1	1:A:102:PHE:CD2	0.42	3.07	1	1
1:A:243:SER:HA	1:A:256:GLY:HA2	0.42	1.92	1	1
1:A:41:THR:HA	1:A:68:SER:HA	0.42	1.90	4	5
1:A:55:SER:HA	1:A:60:GLU:HA	0.42	1.92	12	6
1:A:120:GLU:CG	1:A:132:LYS:HB2	0.42	2.45	2	1
1:A:61:LYS:HG3	1:A:62:THR:N	0.42	2.29	2	1
1:A:154:VAL:HG12	1:A:178:PHE:HE2	0.42	1.75	15	1
1:A:109:HIS:HB2	1:A:143:GLU:HG3	0.42	1.92	11	1
1:A:145:THR:HG21	1:A:233:PHE:CG	0.42	2.48	11	1
1:A:201:VAL:HG12	1:A:202:ALA:N	0.42	2.30	11	1
1:A:147:PHE:HZ	1:A:205:LYS:CG	0.42	2.27	13	1
1:A:260:LYS:HD2	1:A:261:GLN:HG2	0.42	1.91	13	1
1:A:162:ALA:HA	1:A:257:LEU:HA	0.42	1.92	4	1
1:A:115:LEU:HD23	1:A:136:ARG:HB3	0.42	1.92	4	1
1:A:116:GLN:HE22	1:A:168:ALA:CB	0.42	2.23	14	1
1:A:189:HIS:ND1	1:A:190:LEU:HD23	0.42	2.30	12	1
1:A:153:ASP:CA	1:A:178:PHE:HB2	0.42	2.44	9	1
1:A:149:LYS:HD3	1:A:150:LEU:N	0.42	2.30	16	2
1:A:158:TYR:HE2	1:A:238:GLN:CG	0.42	2.27	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:107:GLN:CD	1:A:239:GLU:CG	0.42	2.88	1	1
1:A:150:LEU:CD1	1:A:236:LYS:CG	0.42	2.96	1	1
1:A:170:GLY:N	1:A:189:HIS:HD2	0.42	2.08	1	1
1:A:178:PHE:CD2	1:A:179:ALA:HB3	0.42	2.50	1	1
1:A:177:ASP:HB3	1:A:182:GLN:HB3	0.42	1.91	1	1
1:A:232:ILE:CG2	1:A:239:GLU:O	0.42	2.64	1	1
1:A:174:TYR:HD1	1:A:186:LYS:N	0.42	2.12	16	1
1:A:220:TYR:CB	1:A:224:GLU:HB3	0.42	2.45	16	2
1:A:110:SER:OG	1:A:141:ALA:O	0.42	2.38	10	1
1:A:103:GLN:HE22	1:A:161:THR:HG21	0.42	1.73	3	1
1:A:155:MET:HA	1:A:177:ASP:CA	0.42	2.45	3	1
1:A:141:ALA:HB1	1:A:144:HIS:HB3	0.42	1.91	15	1
1:A:156:ALA:HB1	1:A:235:GLU:HG2	0.42	1.89	11	1
1:A:249:ALA:O	1:A:250:ASN:HB3	0.42	2.15	11	1
1:A:145:THR:OG1	1:A:235:GLU:CD	0.42	2.57	13	1
1:A:151:PRO:CD	1:A:234:GLY:O	0.42	2.68	13	1
1:A:145:THR:CG2	1:A:233:PHE:CA	0.42	2.93	4	1
1:A:250:ASN:ND2	1:A:250:ASN:O	0.42	2.47	4	1
1:A:174:TYR:HB2	1:A:184:HIS:C	0.42	2.35	14	2
1:A:187:ILE:O	1:A:196:ASN:HB2	0.42	2.14	7	1
1:A:176:ILE:HG22	1:A:203:TYR:HB2	0.42	1.92	1	2
1:A:162:ALA:O	1:A:170:GLY:C	0.42	2.57	6	1
1:A:171:LYS:HB2	1:A:188:GLU:CG	0.42	2.44	6	1
1:A:122:ASP:OD2	1:A:130:VAL:HG22	0.42	2.13	14	1
1:A:185:GLY:C	1:A:186:LYS:CG	0.42	2.88	14	1
1:A:239:GLU:HB3	1:A:260:LYS:HA	0.42	1.91	12	1
1:A:148:ASP:C	1:A:151:PRO:HD2	0.42	2.35	8	1
1:A:75:LYS:CD	1:A:77:ASP:HB2	0.42	2.45	8	1
1:A:176:ILE:CG1	1:A:201:VAL:HG11	0.42	2.36	1	1
1:A:218:VAL:CG1	1:A:226:GLY:HA3	0.42	2.44	1	1
1:A:104:VAL:HA	1:A:113:THR:HB	0.42	1.90	10	1
1:A:157:THR:C	1:A:158:TYR:CG	0.42	2.93	10	1
1:A:203:TYR:CE1	1:A:232:ILE:HD13	0.42	2.50	10	1
1:A:199:LEU:CD1	1:A:199:LEU:C	0.42	2.87	3	1
1:A:212:ALA:C	1:A:232:ILE:O	0.42	2.58	3	1
1:A:50:GLY:HA3	1:A:88:ILE:CG1	0.42	2.44	3	1
1:A:120:GLU:OE2	1:A:132:LYS:HD2	0.42	2.15	2	1
1:A:22:LEU:CD1	1:A:56:ALA:HB1	0.42	2.44	2	1
1:A:49:ASN:HB2	1:A:94:LEU:HD22	0.42	1.91	2	1
1:A:85:ILE:HG13	1:A:99:SER:HB2	0.42	1.92	4	2
1:A:161:THR:HA	1:A:171:LYS:HA	0.42	1.91	15	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:86:ARG:NH1	1:A:98:GLU:CB	0.42	2.83	15	1
1:A:120:GLU:O	1:A:130:VAL:O	0.42	2.37	11	1
1:A:235:GLU:OE2	1:A:236:LYS:CB	0.42	2.68	13	1
1:A:152:LYS:HD3	1:A:152:LYS:N	0.42	2.30	5	1
1:A:213:VAL:C	1:A:232:ILE:HG22	0.42	2.35	5	1
1:A:116:GLN:CD	1:A:135:PHE:CZ	0.42	2.92	12	1
1:A:37:LEU:N	1:A:37:LEU:CD2	0.42	2.83	9	1
1:A:147:PHE:CE2	1:A:156:ALA:HB2	0.42	2.50	1	1
1:A:144:HIS:HB3	1:A:211:HIS:CG	0.42	2.50	1	1
1:A:23:ALA:CB	1:A:59:ALA:N	0.42	2.73	16	1
1:A:184:HIS:CB	1:A:201:VAL:H	0.41	2.28	17	2
1:A:174:TYR:HE1	1:A:199:LEU:CD1	0.41	2.28	17	2
1:A:77:ASP:HA	1:A:260:LYS:HD3	0.41	1.92	13	3
1:A:153:ASP:CA	1:A:178:PHE:CG	0.41	3.02	10	1
1:A:204:ILE:HG13	1:A:213:VAL:HG22	0.41	1.92	10	1
1:A:160:GLY:CA	1:A:259:ALA:CB	0.41	2.97	10	1
1:A:84:PHE:HE2	1:A:102:PHE:CB	0.41	2.29	2	4
1:A:163:PHE:CZ	1:A:256:GLY:CA	0.41	3.02	2	1
1:A:106:LYS:HD3	1:A:111:ALA:HB2	0.41	1.90	15	1
1:A:174:TYR:CD1	1:A:184:HIS:C	0.41	2.93	4	1
1:A:110:SER:HB3	1:A:141:ALA:HA	0.41	1.92	5	1
1:A:221:ASN:O	1:A:221:ASN:OD1	0.41	2.38	5	1
1:A:147:PHE:CE1	1:A:178:PHE:HE1	0.41	2.31	7	1
1:A:199:LEU:HB3	1:A:218:VAL:CB	0.41	2.45	7	1
1:A:119:GLN:CD	1:A:129:MET:SD	0.41	2.98	6	1
1:A:190:LEU:H	1:A:195:LEU:HA	0.41	1.75	14	1
1:A:159:ARG:HB2	1:A:173:THR:CB	0.41	2.45	1	1
1:A:147:PHE:CD2	1:A:178:PHE:HA	0.41	2.50	1	1
1:A:199:LEU:HD11	1:A:200:ALA:O	0.41	2.14	1	1
1:A:147:PHE:CZ	1:A:236:LYS:HA	0.41	2.50	1	1
1:A:185:GLY:O	1:A:186:LYS:HG2	0.41	2.15	1	1
1:A:155:MET:SD	1:A:175:THR:CG2	0.41	3.08	16	1
1:A:88:ILE:HG22	1:A:96:THR:CB	0.41	2.45	17	1
1:A:117:THR:CG2	1:A:118:GLU:H	0.41	2.26	10	3
1:A:77:ASP:CA	1:A:260:LYS:HD2	0.41	2.46	2	1
1:A:233:PHE:HD1	1:A:233:PHE:N	0.41	2.12	11	1
1:A:139:ASP:OD2	1:A:241:ALA:HB1	0.41	2.14	4	1
1:A:135:PHE:CE2	1:A:254:HIS:HE1	0.41	2.33	4	1
1:A:147:PHE:O	1:A:151:PRO:O	0.41	2.38	5	1
1:A:157:THR:O	1:A:158:TYR:CG	0.41	2.74	7	1
1:A:181:LYS:HA	1:A:203:TYR:CA	0.41	2.45	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:31:ASP:HA	1:A:34:ASP:CG	0.41	2.35	7	1
1:A:190:LEU:CD1	1:A:190:LEU:C	0.41	2.86	6	1
1:A:25:ALA:HB3	1:A:26:LEU:HD12	0.41	1.92	6	1
1:A:176:ILE:HB	1:A:182:GLN:O	0.41	2.14	12	1
1:A:140:ILE:HD13	1:A:144:HIS:NE2	0.41	2.30	1	1
1:A:24:ASP:C	1:A:28:ALA:HB3	0.41	2.34	1	1
1:A:77:ASP:HB2	1:A:260:LYS:HG3	0.41	1.90	17	1
1:A:144:HIS:C	1:A:146:SER:N	0.41	2.73	2	1
1:A:226:GLY:CA	1:A:246:VAL:HG23	0.41	2.44	13	1
1:A:107:GLN:HG3	1:A:239:GLU:HG2	0.41	1.91	4	1
1:A:74:LEU:CD1	1:A:78:LYS:N	0.41	2.83	4	1
1:A:159:ARG:N	1:A:159:ARG:NE	0.41	2.69	4	1
1:A:84:PHE:HE1	1:A:86:ARG:CZ	0.41	2.28	5	2
1:A:174:TYR:CB	1:A:185:GLY:CA	0.41	2.98	14	1
1:A:54:LEU:HD11	1:A:61:LYS:HB3	0.41	1.91	14	1
1:A:142:GLY:CA	1:A:211:HIS:NE2	0.41	2.83	9	1
1:A:48:GLN:O	1:A:88:ILE:CG1	0.41	2.68	1	1
1:A:174:TYR:CE2	1:A:184:HIS:CA	0.41	3.03	17	1
1:A:104:VAL:HG22	1:A:113:THR:OG1	0.41	2.16	10	1
1:A:247:GLU:CG	1:A:252:ILE:CG1	0.41	2.98	10	1
1:A:167:ASP:HB2	1:A:189:HIS:ND1	0.41	2.30	3	1
1:A:47:SER:N	1:A:49:ASN:HD21	0.41	2.14	3	1
1:A:158:TYR:HB3	1:A:174:TYR:HB3	0.41	1.90	15	1
1:A:129:MET:C	1:A:130:VAL:HG22	0.41	2.36	15	1
1:A:120:GLU:N	1:A:130:VAL:O	0.41	2.49	11	1
1:A:135:PHE:CZ	1:A:163:PHE:HZ	0.41	2.34	13	1
1:A:54:LEU:HB2	1:A:61:LYS:O	0.41	2.15	7	1
1:A:54:LEU:N	1:A:61:LYS:O	0.41	2.50	7	1
1:A:29:PRO:HB3	1:A:70:ASN:CG	0.41	2.35	7	1
1:A:203:TYR:HE2	1:A:232:ILE:CD1	0.41	2.26	9	1
1:A:228:TYR:CD2	1:A:230:LEU:HD11	0.41	2.49	9	1
1:A:158:TYR:CZ	1:A:238:GLN:HG2	0.41	2.49	17	1
1:A:97:LEU:O	1:A:98:GLU:OE2	0.41	2.39	17	1
1:A:79:VAL:O	1:A:80:SER:OG	0.41	2.38	10	1
1:A:187:ILE:CG1	1:A:197:VAL:HG21	0.41	2.45	3	1
1:A:199:LEU:CB	1:A:218:VAL:HG23	0.41	2.45	3	1
1:A:86:ARG:O	1:A:98:GLU:N	0.41	2.50	3	1
1:A:75:LYS:HE2	1:A:78:LYS:HD2	0.41	1.92	13	1
1:A:190:LEU:CD2	1:A:195:LEU:HB3	0.41	2.38	4	1
1:A:81:ARG:HA	1:A:103:GLN:HA	0.41	1.93	7	1
1:A:54:LEU:HD22	1:A:82:PHE:CD1	0.41	2.50	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:162:ALA:HB2	1:A:172:LEU:HB3	0.41	1.92	6	1
1:A:203:TYR:HD1	1:A:214:ILE:CG1	0.41	2.28	6	1
1:A:77:ASP:OD1	1:A:261:GLN:OE1	0.41	2.39	6	1
1:A:172:LEU:CD1	1:A:174:TYR:HD1	0.41	2.28	9	1
1:A:172:LEU:HD22	1:A:187:ILE:HD13	0.41	1.93	8	1
1:A:172:LEU:HD22	1:A:174:TYR:CE2	0.41	2.50	1	1
1:A:208:GLU:HB3	1:A:209:LYS:CD	0.41	2.46	1	1
1:A:108:SER:CB	1:A:235:GLU:CD	0.41	2.89	17	1
1:A:82:PHE:N	1:A:102:PHE:O	0.41	2.50	10	1
1:A:261:GLN:HG2	1:A:261:GLN:OXT	0.41	2.15	2	1
1:A:158:TYR:HE1	1:A:235:GLU:CG	0.41	2.25	11	1
1:A:90:VAL:HG21	1:A:93:GLN:HG2	0.41	1.90	11	1
1:A:148:ASP:HA	1:A:205:LYS:HD2	0.41	1.91	4	1
1:A:176:ILE:CA	1:A:183:GLY:HA2	0.41	2.45	6	1
1:A:30:LEU:HD22	1:A:38:LYS:C	0.41	2.36	6	1
1:A:154:VAL:CG1	1:A:178:PHE:CD2	0.41	3.03	14	1
1:A:74:LEU:HD13	1:A:106:LYS:HD3	0.41	1.91	12	1
1:A:149:LYS:HD3	1:A:151:PRO:HD2	0.41	1.91	9	1
1:A:77:ASP:CB	1:A:260:LYS:CE	0.41	2.98	8	1
1:A:203:TYR:HE1	1:A:212:ALA:CB	0.41	2.24	1	1
1:A:181:LYS:HA	1:A:203:TYR:CB	0.41	2.46	16	1
1:A:102:PHE:CZ	1:A:115:LEU:HD23	0.41	2.47	16	1
1:A:175:THR:O	1:A:184:HIS:CD2	0.41	2.73	17	1
1:A:188:GLU:HG2	1:A:196:ASN:HB3	0.41	1.93	17	1
1:A:181:LYS:HE3	1:A:181:LYS:HA	0.41	1.93	10	1
1:A:203:TYR:OH	1:A:232:ILE:HD11	0.41	2.15	10	1
1:A:181:LYS:HD3	1:A:204:ILE:HA	0.41	1.91	5	2
1:A:120:GLU:CB	1:A:130:VAL:CB	0.41	2.97	2	1
1:A:47:SER:N	1:A:65:ASN:CG	0.41	2.74	15	1
1:A:149:LYS:HG2	1:A:235:GLU:HB2	0.41	1.91	13	1
1:A:148:ASP:CB	1:A:205:LYS:HD2	0.41	2.46	4	1
1:A:151:PRO:CB	1:A:179:ALA:HB3	0.41	2.46	4	1
1:A:260:LYS:HE3	1:A:261:GLN:HG3	0.41	1.92	4	1
1:A:74:LEU:HD13	1:A:78:LYS:HA	0.41	1.92	4	1
1:A:171:LYS:CB	1:A:188:GLU:CG	0.41	2.99	6	1
1:A:164:GLY:HA3	1:A:255:ILE:HG23	0.41	1.91	6	1
1:A:25:ALA:C	1:A:26:LEU:HD12	0.41	2.35	6	1
1:A:144:HIS:O	1:A:235:GLU:CB	0.41	2.69	14	1
1:A:246:VAL:HB	1:A:253:HIS:HB2	0.41	1.93	12	1
1:A:30:LEU:HD23	1:A:30:LEU:N	0.41	2.29	1	1
1:A:88:ILE:HD13	1:A:94:LEU:HB2	0.41	1.93	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:38:LYS:O	1:A:39:SER:HB2	0.41	2.15	10	1
1:A:71:THR:HB	1:A:74:LEU:HB2	0.41	1.92	3	3
1:A:54:LEU:HB3	1:A:84:PHE:HB3	0.41	1.93	3	1
1:A:174:TYR:CZ	1:A:199:LEU:HB3	0.41	2.51	2	1
1:A:38:LYS:C	1:A:72:GLY:CA	0.41	2.89	15	1
1:A:52:LEU:CD2	1:A:64:GLY:HA2	0.41	2.46	4	1
1:A:112:LEU:HA	1:A:140:ILE:N	0.41	2.31	6	1
1:A:158:TYR:OH	1:A:239:GLU:O	0.41	2.35	9	1
1:A:80:SER:HB2	1:A:104:VAL:HB	0.41	1.91	9	1
1:A:164:GLY:CA	1:A:255:ILE:HG22	0.41	2.46	8	1
1:A:171:LYS:HB2	1:A:189:HIS:ND1	0.41	2.30	1	1
1:A:208:GLU:C	1:A:209:LYS:HD3	0.41	2.36	17	1
1:A:105:TYR:CZ	1:A:260:LYS:CE	0.41	3.02	17	1
1:A:235:GLU:CG	1:A:236:LYS:N	0.41	2.82	17	1
1:A:115:LEU:HD12	1:A:136:ARG:HH11	0.41	1.76	17	1
1:A:106:LYS:HE3	1:A:111:ALA:HB2	0.41	1.92	10	1
1:A:244:ALA:CA	1:A:255:ILE:CD1	0.41	2.99	10	1
1:A:163:PHE:CE2	1:A:168:ALA:CA	0.41	3.04	10	1
1:A:155:MET:CA	1:A:177:ASP:HA	0.41	2.46	3	1
1:A:261:GLN:CA	1:A:261:GLN:NE2	0.41	2.83	3	1
1:A:171:LYS:HB3	1:A:188:GLU:CB	0.41	2.45	2	2
1:A:153:ASP:CA	1:A:178:PHE:CD2	0.41	3.03	2	1
1:A:187:ILE:HG22	1:A:197:VAL:HG12	0.41	1.90	2	1
1:A:203:TYR:HD1	1:A:203:TYR:N	0.41	2.12	11	1
1:A:22:LEU:C	1:A:24:ASP:N	0.41	2.74	11	1
1:A:147:PHE:N	1:A:147:PHE:CD1	0.41	2.88	13	1
1:A:38:LYS:O	1:A:39:SER:CB	0.41	2.69	1	4
1:A:148:ASP:CA	1:A:205:LYS:CD	0.41	2.98	4	1
1:A:131:ALA:C	1:A:132:LYS:HG2	0.41	2.35	4	1
1:A:172:LEU:CB	1:A:228:TYR:OH	0.41	2.69	5	1
1:A:87:GLN:HB3	1:A:97:LEU:HA	0.41	1.93	5	1
1:A:81:ARG:CA	1:A:103:GLN:HA	0.41	2.46	7	1
1:A:186:LYS:NZ	1:A:188:GLU:OE1	0.41	2.54	7	1
1:A:113:THR:OG1	1:A:114:ALA:N	0.41	2.54	6	1
1:A:239:GLU:HG2	1:A:259:ALA:O	0.41	2.16	6	1
1:A:150:LEU:HD23	1:A:151:PRO:HG3	0.41	1.88	6	1
1:A:176:ILE:CG2	1:A:183:GLY:CA	0.41	2.84	6	1
1:A:207:ASP:CG	1:A:208:GLU:N	0.41	2.74	14	1
1:A:210:HIS:CE1	1:A:211:HIS:CE1	0.41	3.07	14	1
1:A:143:GLU:CB	1:A:235:GLU:CG	0.41	2.98	8	1
1:A:140:ILE:HD13	1:A:239:GLU:OE1	0.41	2.15	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:48:GLN:O	1:A:88:ILE:CD1	0.41	2.68	1	1
1:A:172:LEU:CA	1:A:174:TYR:CZ	0.41	3.03	16	1
1:A:121:GLN:CG	1:A:129:MET:HA	0.41	2.46	16	1
1:A:76:ASN:HB3	1:A:108:SER:HA	0.41	1.92	17	3
1:A:141:ALA:HB3	1:A:144:HIS:CB	0.41	2.46	10	1
1:A:154:VAL:N	1:A:178:PHE:CG	0.41	2.89	10	1
1:A:218:VAL:HG21	1:A:228:TYR:CE1	0.41	2.51	10	1
1:A:82:PHE:CE1	1:A:84:PHE:HD2	0.41	2.33	3	1
1:A:189:HIS:O	1:A:195:LEU:O	0.41	2.38	2	1
1:A:195:LEU:O	1:A:196:ASN:CG	0.41	2.57	2	1
1:A:203:TYR:HE1	1:A:214:ILE:CD1	0.41	2.28	2	1
1:A:79:VAL:HG12	1:A:103:GLN:OE1	0.41	2.16	13	1
1:A:247:GLU:CG	1:A:252:ILE:HG13	0.41	2.46	13	1
1:A:203:TYR:HE1	1:A:214:ILE:CG1	0.41	2.28	4	1
1:A:204:ILE:C	1:A:206:PRO:HD2	0.41	2.37	4	1
1:A:145:THR:HG21	1:A:234:GLY:CA	0.41	2.46	7	1
1:A:179:ALA:C	1:A:181:LYS:N	0.41	2.75	7	3
1:A:112:LEU:C	1:A:139:ASP:HA	0.41	2.37	6	1
1:A:108:SER:HB3	1:A:237:ALA:HB2	0.41	1.91	14	1
1:A:160:GLY:N	1:A:259:ALA:HB1	0.41	2.30	14	1
1:A:185:GLY:C	1:A:186:LYS:HG2	0.41	2.36	16	2
1:A:150:LEU:HD22	1:A:234:GLY:HA3	0.40	1.92	17	1
1:A:107:GLN:NE2	1:A:142:GLY:H	0.40	2.14	10	1
1:A:112:LEU:HB3	1:A:139:ASP:HB3	0.40	1.91	15	1
1:A:52:LEU:HD11	1:A:63:TYR:CB	0.40	2.46	15	1
1:A:137:ILE:CG1	1:A:139:ASP:OD1	0.40	2.69	11	1
1:A:147:PHE:CD2	1:A:151:PRO:CG	0.40	3.04	11	1
1:A:165:SER:HG	1:A:254:HIS:C	0.40	2.17	11	1
1:A:90:VAL:HG11	1:A:93:GLN:HB3	0.40	1.92	11	1
1:A:112:LEU:CA	1:A:139:ASP:HA	0.40	2.46	4	1
1:A:41:THR:CA	1:A:68:SER:CB	0.40	2.99	4	1
1:A:156:ALA:O	1:A:176:ILE:HG12	0.40	2.16	5	1
1:A:112:LEU:CG	1:A:239:GLU:OE1	0.40	2.69	7	1
1:A:199:LEU:HA	1:A:218:VAL:HA	0.40	1.93	7	1
1:A:24:ASP:C	1:A:28:ALA:O	0.40	2.59	7	1
1:A:25:ALA:C	1:A:70:ASN:HB3	0.40	2.36	7	1
1:A:146:SER:HB2	1:A:210:HIS:C	0.40	2.36	6	1
1:A:181:LYS:CD	1:A:204:ILE:HA	0.40	2.46	14	1
1:A:207:ASP:C	1:A:207:ASP:OD1	0.40	2.59	14	1
1:A:115:LEU:O	1:A:115:LEU:HD12	0.40	2.16	9	1
1:A:199:LEU:HD23	1:A:199:LEU:HA	0.40	1.65	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:247:GLU:HG2	1:A:252:ILE:CA	0.40	2.46	10	1
1:A:189:HIS:H	1:A:197:VAL:CG2	0.40	2.28	3	1
1:A:144:HIS:O	1:A:146:SER:N	0.40	2.55	2	1
1:A:177:ASP:N	1:A:177:ASP:OD1	0.40	2.55	2	1
1:A:243:SER:OG	1:A:256:GLY:HA2	0.40	2.16	2	1
1:A:152:LYS:O	1:A:154:VAL:CG2	0.40	2.69	15	1
1:A:158:TYR:CZ	1:A:235:GLU:CB	0.40	3.02	11	1
1:A:116:GLN:HA	1:A:135:PHE:CB	0.40	2.46	13	1
1:A:74:LEU:CD2	1:A:78:LYS:HG2	0.40	2.28	4	1
1:A:41:THR:CA	1:A:68:SER:HB3	0.40	2.46	5	1
1:A:176:ILE:CG2	1:A:203:TYR:HD2	0.40	2.29	7	2
1:A:25:ALA:CA	1:A:70:ASN:HB3	0.40	2.46	7	1
1:A:174:TYR:HB2	1:A:176:ILE:HD11	0.40	1.93	6	1
1:A:147:PHE:CA	1:A:178:PHE:CE1	0.40	3.04	14	1
1:A:75:LYS:N	1:A:78:LYS:HG3	0.40	2.31	14	1
1:A:154:VAL:HG23	1:A:178:PHE:HD2	0.40	1.77	8	1
1:A:224:GLU:OE2	1:A:246:VAL:HG11	0.40	2.15	8	1
1:A:183:GLY:N	1:A:201:VAL:O	0.40	2.50	1	1
1:A:109:HIS:CB	1:A:144:HIS:NE2	0.40	2.84	17	1
1:A:162:ALA:H	1:A:170:GLY:C	0.40	2.19	10	1
1:A:220:TYR:CE2	1:A:222:GLN:HG3	0.40	2.50	10	1
1:A:101:GLU:O	1:A:116:GLN:HB2	0.40	2.16	3	1
1:A:188:GLU:C	1:A:196:ASN:HD21	0.40	2.20	2	1
1:A:154:VAL:HG12	1:A:178:PHE:CE2	0.40	2.52	15	1
1:A:158:TYR:OH	1:A:238:GLN:C	0.40	2.60	5	1
1:A:84:PHE:HE1	1:A:86:ARG:CD	0.40	2.29	5	1
1:A:49:ASN:HD22	1:A:49:ASN:C	0.40	2.19	7	1
1:A:20:THR:HA	1:A:57:GLN:NE2	0.40	2.31	14	1
1:A:86:ARG:NE	1:A:98:GLU:OE2	0.40	2.54	16	1
1:A:228:TYR:CZ	1:A:230:LEU:CD1	0.40	2.99	17	1
1:A:204:ILE:CG1	1:A:213:VAL:HG22	0.40	2.46	10	1
1:A:81:ARG:HD3	1:A:81:ARG:N	0.40	2.31	10	1
1:A:90:VAL:CG1	1:A:93:GLN:CD	0.40	2.77	10	1
1:A:129:MET:O	1:A:130:VAL:HG22	0.40	2.17	3	1
1:A:96:THR:HA	1:A:121:GLN:NE2	0.40	2.32	2	1
1:A:183:GLY:HA3	1:A:201:VAL:O	0.40	2.15	15	1
1:A:147:PHE:HZ	1:A:232:ILE:CG2	0.40	2.23	15	1
1:A:117:THR:HB	1:A:134:ARG:HB2	0.40	1.93	11	1
1:A:115:LEU:N	1:A:136:ARG:O	0.40	2.50	11	1
1:A:146:SER:C	1:A:235:GLU:HB3	0.40	2.37	13	1
1:A:158:TYR:OH	1:A:238:GLN:HB3	0.40	2.15	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:147:PHE:CA	1:A:178:PHE:HE1	0.40	2.29	14	1
1:A:169:GLY:O	1:A:190:LEU:HD12	0.40	2.15	14	1
1:A:98:GLU:HG2	1:A:120:GLU:CA	0.40	2.47	14	1
1:A:26:LEU:HD21	1:A:54:LEU:HD12	0.40	1.92	12	1
1:A:203:TYR:HD2	1:A:232:ILE:HG21	0.40	1.70	9	1
1:A:49:ASN:C	1:A:49:ASN:HD22	0.40	2.20	9	1
1:A:86:ARG:CD	1:A:98:GLU:HG3	0.40	2.47	1	1
1:A:150:LEU:H	1:A:151:PRO:HD2	0.40	1.77	16	1
1:A:57:GLN:HE22	1:A:81:ARG:NH1	0.40	2.13	16	1
1:A:121:GLN:HA	1:A:129:MET:HA	0.40	1.92	17	1
1:A:219:LEU:HD23	1:A:225:LYS:HA	0.40	1.93	2	1
1:A:176:ILE:HG23	1:A:203:TYR:HB2	0.40	1.91	15	1
1:A:89:GLU:CB	1:A:95:ILE:HA	0.40	2.47	11	1
1:A:145:THR:CG2	1:A:235:GLU:HA	0.40	2.41	5	1
1:A:102:PHE:CD2	1:A:115:LEU:HD23	0.40	2.52	7	1
1:A:187:ILE:HG23	1:A:197:VAL:N	0.40	2.29	6	1
1:A:63:TYR:OH	1:A:69:LEU:HA	0.40	2.16	14	1
1:A:137:ILE:O	1:A:137:ILE:HG22	0.40	2.17	9	1
1:A:156:ALA:HB2	1:A:178:PHE:HE1	0.40	1.76	9	1
1:A:148:ASP:CA	1:A:151:PRO:HD2	0.40	2.47	8	1
1:A:199:LEU:CD1	1:A:200:ALA:O	0.40	2.69	1	1
1:A:86:ARG:HB2	1:A:98:GLU:HG2	0.40	1.92	1	1
1:A:49:ASN:ND2	1:A:50:GLY:N	0.40	2.69	16	1

6.3 Torsion angles ⓘ

6.3.1 Protein backbone ⓘ

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all PDB entries followed by that with respect to all NMR entries. The Analysed column shows the number of residues for which the backbone conformation was analysed and the total number of residues.

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	A	232/261 (89%)	155±5 (67±2%)	50±4 (21±2%)	27±4 (12±2%)	1	8
All	All	3944/4437 (89%)	2643 (67%)	845 (21%)	456 (12%)	1	8

All 77 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	58	GLY	17
1	A	95	ILE	17
1	A	178	PHE	17
1	A	67	ASP	15
1	A	92	GLY	15
1	A	94	LEU	15
1	A	150	LEU	14
1	A	43	GLU	14
1	A	236	LYS	14
1	A	207	ASP	13
1	A	30	LEU	13
1	A	223	ASP	13
1	A	250	ASN	12
1	A	234	GLY	10
1	A	74	LEU	10
1	A	181	LYS	10
1	A	147	PHE	10
1	A	238	GLN	9
1	A	205	LYS	8
1	A	209	LYS	8
1	A	235	GLU	8
1	A	33	LYS	8
1	A	46	ILE	8
1	A	44	ASP	8
1	A	144	HIS	7
1	A	142	GLY	7
1	A	179	ALA	7
1	A	180	ALA	7
1	A	210	HIS	7
1	A	50	GLY	7
1	A	36	GLY	6
1	A	165	SER	6
1	A	47	SER	5
1	A	140	ILE	5
1	A	170	GLY	5
1	A	189	HIS	5
1	A	153	ASP	5
1	A	72	GLY	5
1	A	221	ASN	5
1	A	28	ALA	4
1	A	45	SER	4
1	A	222	GLN	4
1	A	195	LEU	4

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	237	ALA	4
1	A	190	LEU	4
1	A	32	HIS	4
1	A	146	SER	4
1	A	169	GLY	3
1	A	139	ASP	3
1	A	148	ASP	3
1	A	48	GLN	3
1	A	73	LYS	3
1	A	71	THR	2
1	A	19	GLY	2
1	A	183	GLY	2
1	A	37	LEU	2
1	A	108	SER	2
1	A	79	VAL	2
1	A	155	MET	2
1	A	21	GLY	2
1	A	224	GLU	2
1	A	31	ASP	1
1	A	143	GLU	1
1	A	152	LYS	1
1	A	42	LEU	1
1	A	78	LYS	1
1	A	77	ASP	1
1	A	76	ASN	1
1	A	196	ASN	1
1	A	141	ALA	1
1	A	197	VAL	1
1	A	208	GLU	1
1	A	91	ASP	1
1	A	49	ASN	1
1	A	184	HIS	1
1	A	75	LYS	1
1	A	35	LYS	1

6.3.2 Protein sidechains ⓘ

In the following table, the Percentiles column shows the percent sidechain outliers of the chain as a percentile score with respect to all 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	185/203 (91%)	124±4 (67±2%)	61±4 (33±2%)	1	12
All	All	3145/3451 (91%)	2104 (67%)	1041 (33%)	1	12

All 164 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	20	THR	17
1	A	255	ILE	17
1	A	22	LEU	16
1	A	49	ASN	16
1	A	102	PHE	16
1	A	190	LEU	16
1	A	254	HIS	16
1	A	74	LEU	15
1	A	187	ILE	15
1	A	95	ILE	15
1	A	47	SER	14
1	A	232	ILE	14
1	A	213	VAL	14
1	A	149	LYS	13
1	A	140	ILE	13
1	A	260	LYS	13
1	A	81	ARG	13
1	A	112	LEU	13
1	A	219	LEU	12
1	A	147	PHE	12
1	A	122	ASP	12
1	A	88	ILE	12
1	A	233	PHE	12
1	A	146	SER	12
1	A	24	ASP	12
1	A	110	SER	12
1	A	53	THR	12
1	A	129	MET	12
1	A	196	ASN	12
1	A	26	LEU	11
1	A	97	LEU	11
1	A	228	TYR	11
1	A	222	GLN	11
1	A	150	LEU	11
1	A	31	ASP	11
1	A	63	TYR	11

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	80	SER	11
1	A	163	PHE	11
1	A	113	THR	10
1	A	199	LEU	10
1	A	69	LEU	10
1	A	143	GLU	10
1	A	172	LEU	9
1	A	86	ARG	9
1	A	130	VAL	9
1	A	257	LEU	9
1	A	223	ASP	9
1	A	145	THR	9
1	A	253	HIS	9
1	A	203	TYR	9
1	A	121	GLN	8
1	A	40	LEU	8
1	A	184	HIS	8
1	A	174	TYR	8
1	A	79	VAL	8
1	A	105	TYR	8
1	A	247	GLU	8
1	A	261	GLN	8
1	A	204	ILE	8
1	A	152	LYS	7
1	A	227	SER	7
1	A	134	ARG	7
1	A	155	MET	7
1	A	27	THR	7
1	A	54	LEU	7
1	A	159	ARG	7
1	A	209	LYS	7
1	A	33	LYS	7
1	A	165	SER	7
1	A	103	GLN	6
1	A	238	GLN	6
1	A	136	ARG	6
1	A	217	SER	6
1	A	167	ASP	6
1	A	166	ASP	6
1	A	91	ASP	6
1	A	235	GLU	5
1	A	175	THR	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	240	VAL	5
1	A	132	LYS	5
1	A	239	GLU	5
1	A	182	GLN	5
1	A	230	LEU	5
1	A	195	LEU	5
1	A	133	ARG	5
1	A	210	HIS	5
1	A	236	LYS	5
1	A	107	GLN	5
1	A	89	GLU	5
1	A	205	LYS	4
1	A	171	LYS	4
1	A	77	ASP	4
1	A	225	LYS	4
1	A	252	ILE	4
1	A	120	GLU	4
1	A	181	LYS	4
1	A	221	ASN	4
1	A	201	VAL	4
1	A	30	LEU	4
1	A	70	ASN	4
1	A	52	LEU	4
1	A	186	LYS	4
1	A	157	THR	4
1	A	94	LEU	4
1	A	198	ASP	4
1	A	137	ILE	4
1	A	214	ILE	4
1	A	246	VAL	4
1	A	65	ASN	4
1	A	250	ASN	3
1	A	83	ASP	3
1	A	211	HIS	3
1	A	96	THR	3
1	A	144	HIS	3
1	A	44	ASP	3
1	A	75	LYS	3
1	A	208	GLU	3
1	A	118	GLU	3
1	A	61	LYS	3
1	A	46	ILE	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	197	VAL	3
1	A	229	SER	3
1	A	115	LEU	3
1	A	161	THR	2
1	A	48	GLN	2
1	A	37	LEU	2
1	A	71	THR	2
1	A	245	GLU	2
1	A	188	GLU	2
1	A	224	GLU	2
1	A	35	LYS	2
1	A	139	ASP	2
1	A	176	ILE	2
1	A	98	GLU	2
1	A	45	SER	2
1	A	43	GLU	2
1	A	153	ASP	2
1	A	218	VAL	2
1	A	51	THR	2
1	A	82	PHE	2
1	A	106	LYS	2
1	A	189	HIS	2
1	A	73	LYS	2
1	A	78	LYS	1
1	A	220	TYR	1
1	A	93	GLN	1
1	A	32	HIS	1
1	A	34	ASP	1
1	A	57	GLN	1
1	A	38	LYS	1
1	A	104	VAL	1
1	A	158	TYR	1
1	A	42	LEU	1
1	A	99	SER	1
1	A	109	HIS	1
1	A	215	SER	1
1	A	76	ASN	1
1	A	39	SER	1
1	A	178	PHE	1
1	A	60	GLU	1
1	A	67	ASP	1
1	A	85	ILE	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	177	ASP	1
1	A	108	SER	1

6.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

6.5 Carbohydrates [i](#)

There are no carbohydrates in this entry.

6.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers [i](#)

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation

No chemical shift data were provided