



Full wwPDB NMR Structure Validation Report i

Oct 12, 2021 – 04:26 PM EDT

PDB ID : 1Y8B
Title : Solution NMR-Derived Global Fold of Malate Synthase G from E.coli
Authors : Tugarinov, V.; Choy, W.-Y.; Orekhov, V.Y.; Kay, L.E.
Deposited on : 2004-12-10

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

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

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

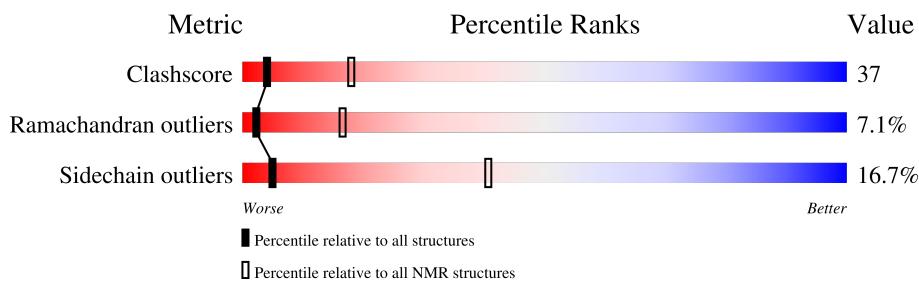
MolProbitiy : 4.02b-467
Percentile statistics : 20191225.v01 (using entries in the PDB archive December 25th 2019)
RCI : v_1n_11_5_13_A (Berjanski et al., 2005)
PANAV : Wang et al. (2010)
ShiftChecker : 2.23.2
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.23.2

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	158937	12864
Ramachandran outliers	154571	11451
Sidechain outliers	154315	11428

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	731		35%	55%	. 6% .

2 Ensemble composition and analysis i

This entry contains 10 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:3-A:153, A:157-A:299, A:312-A:467, A:481-A:671, A:687-A:723 (678)	1.65	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 4 clusters. No single-model clusters were found.

Cluster number	Models
1	5, 6, 10
2	4, 8, 9
3	1, 7
4	2, 3

3 Entry composition [\(i\)](#)

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 11282 atoms, of which 5627 are hydrogens and 0 are deuteriums.

- Molecule 1 is a protein called Malate synthase G.

Mol	Chain	Residues	Atoms						Trace
			Total	C	H	N	O	S	
1	A	723	11282	3543	5627	1015	1068	29	0

There are 10 discrepancies between the modelled and reference sequences:

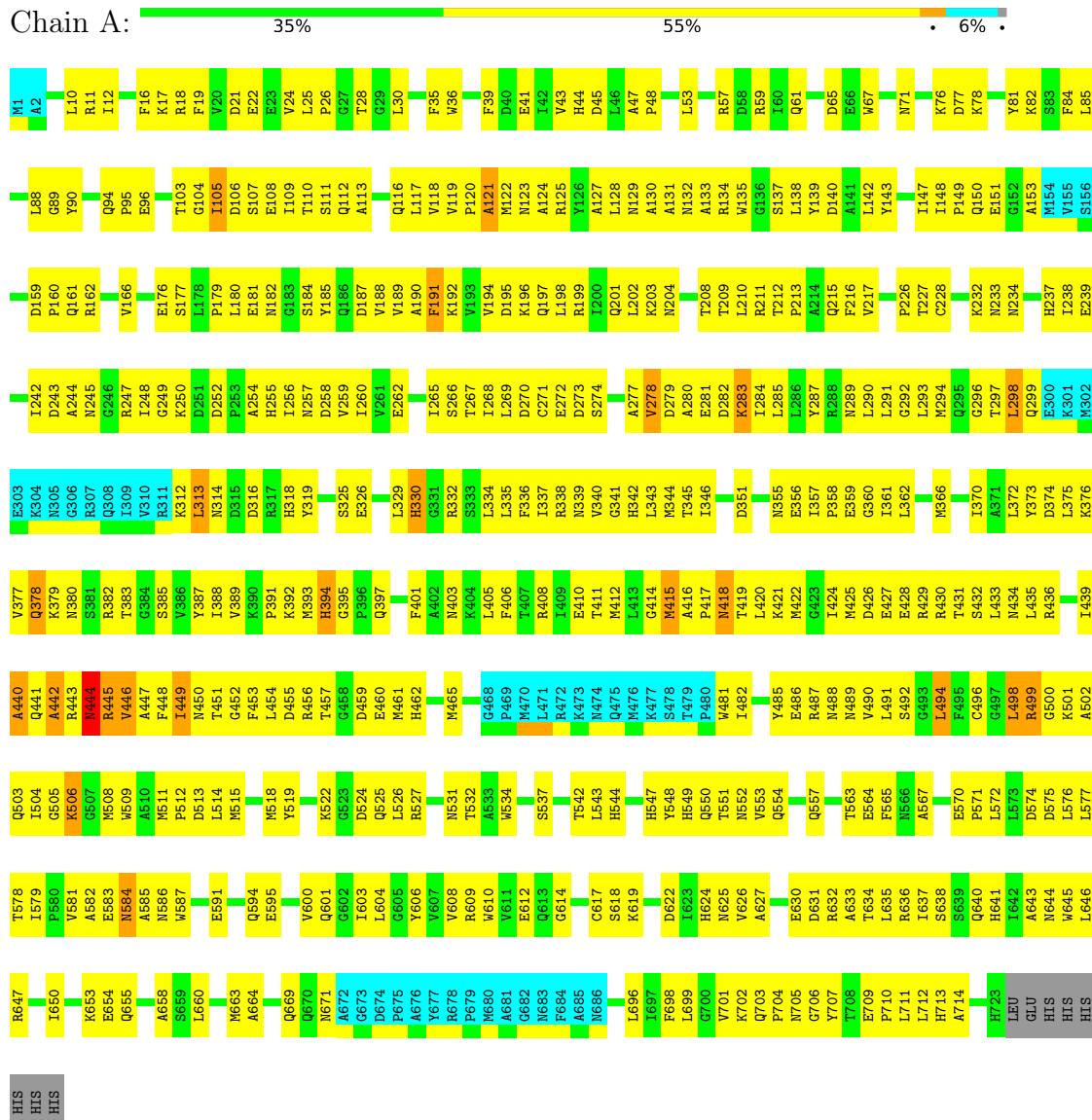
Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	1	MET	-	initiating methionine	UNP P37330
A	2	ALA	SER	engineered mutation	UNP P37330
A	724	LEU	-	cloning artifact	UNP P37330
A	725	GLU	-	cloning artifact	UNP P37330
A	726	HIS	-	expression tag	UNP P37330
A	727	HIS	-	expression tag	UNP P37330
A	728	HIS	-	expression tag	UNP P37330
A	729	HIS	-	expression tag	UNP P37330
A	730	HIS	-	expression tag	UNP P37330
A	731	HIS	-	expression tag	UNP P37330

4 Residue-property plots

4.1 Average score per residue in the NMR ensemble

These plots are provided for all protein, RNA, DNA and oligosaccharide 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: Malate synthase G

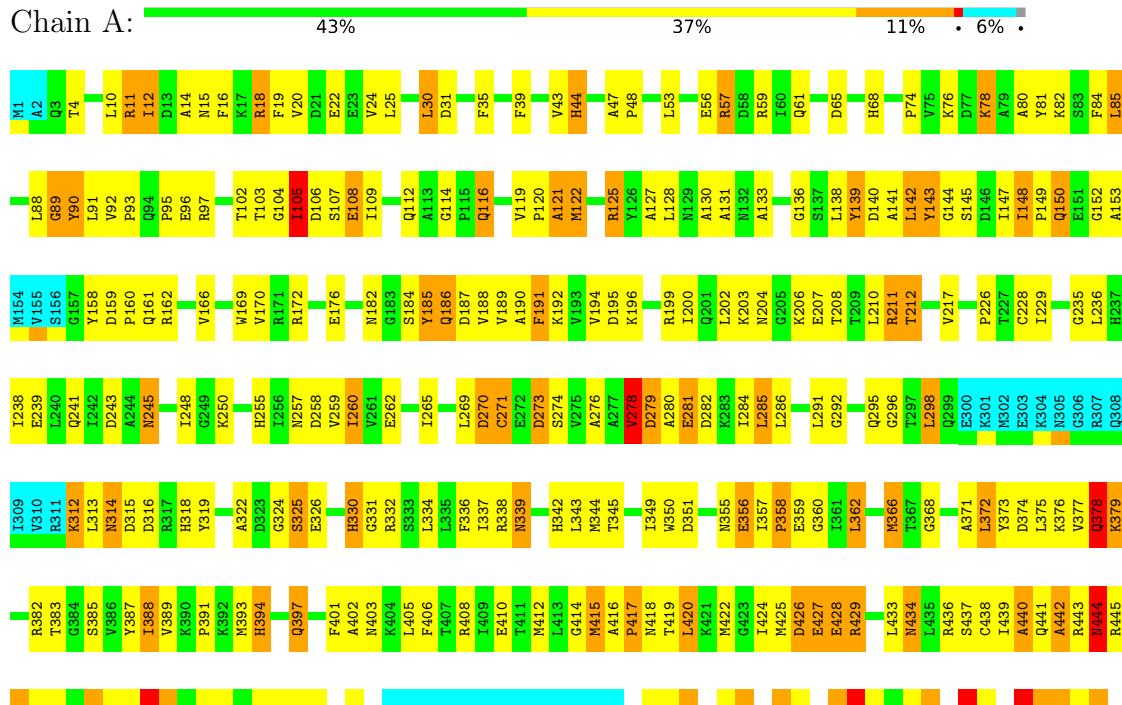


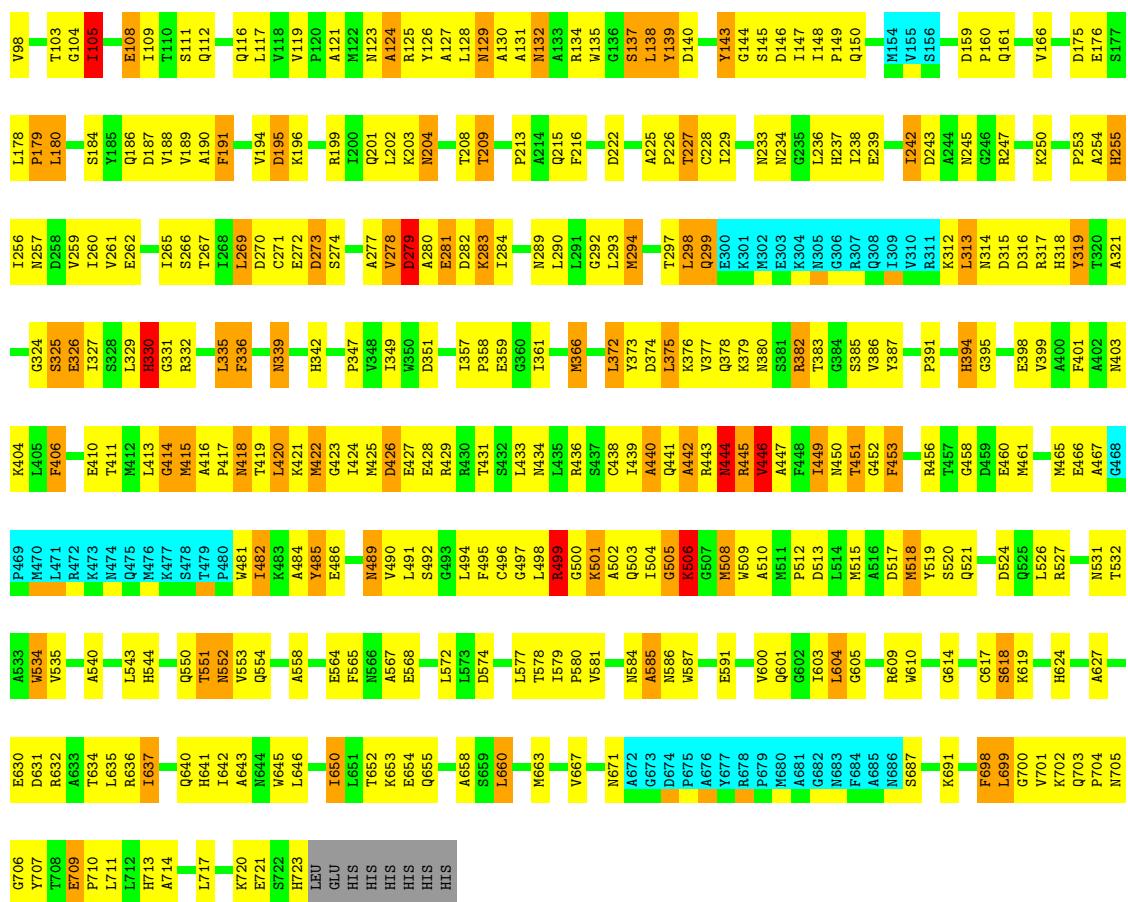
4.2 Scores per residue for each member of the ensemble

Colouring as in section 4.1 above.

4.2.1 Score per residue for model 1

- Molecule 1: Malate synthase G





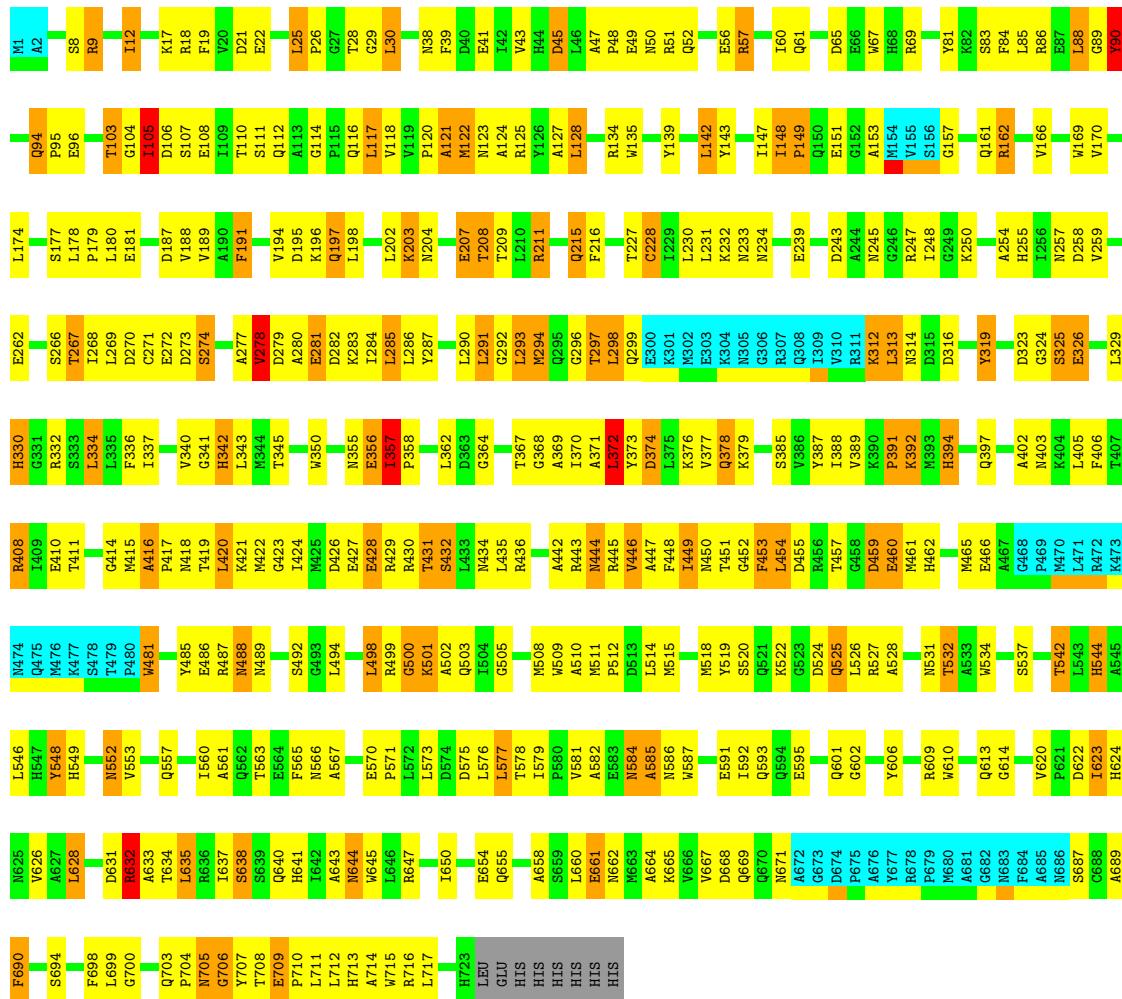


4.2.5 Score per residue for model 5 (medoid)

- Molecule 1: Malate synthase G

Chain A: [██████████] 6%

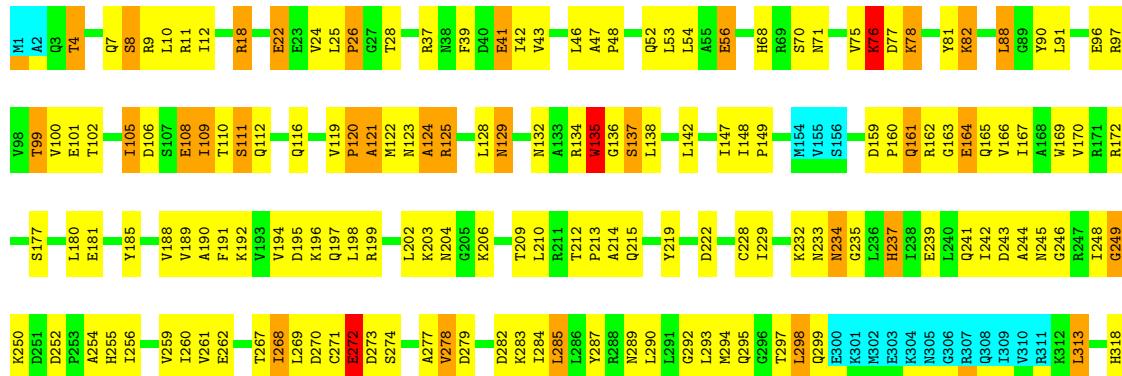
A horizontal progress bar for 'Chain A' consisting of 10 segments. The first 6 segments are filled green, representing 60% completion. The remaining 4 segments are unfilled yellow, representing 40% of the total length. To the right of the bar, the text '6%' is displayed.

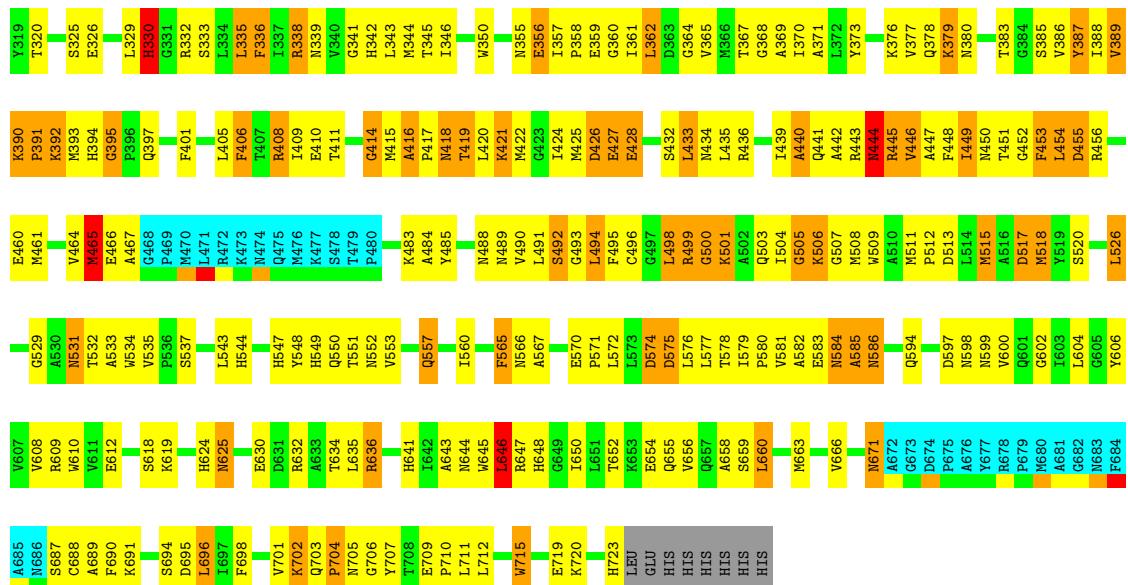


4.2.6 Score per residue for model 6

- Molecule 1: Malate synthase G

Chain A: 39% • 41% • 12% • 6%

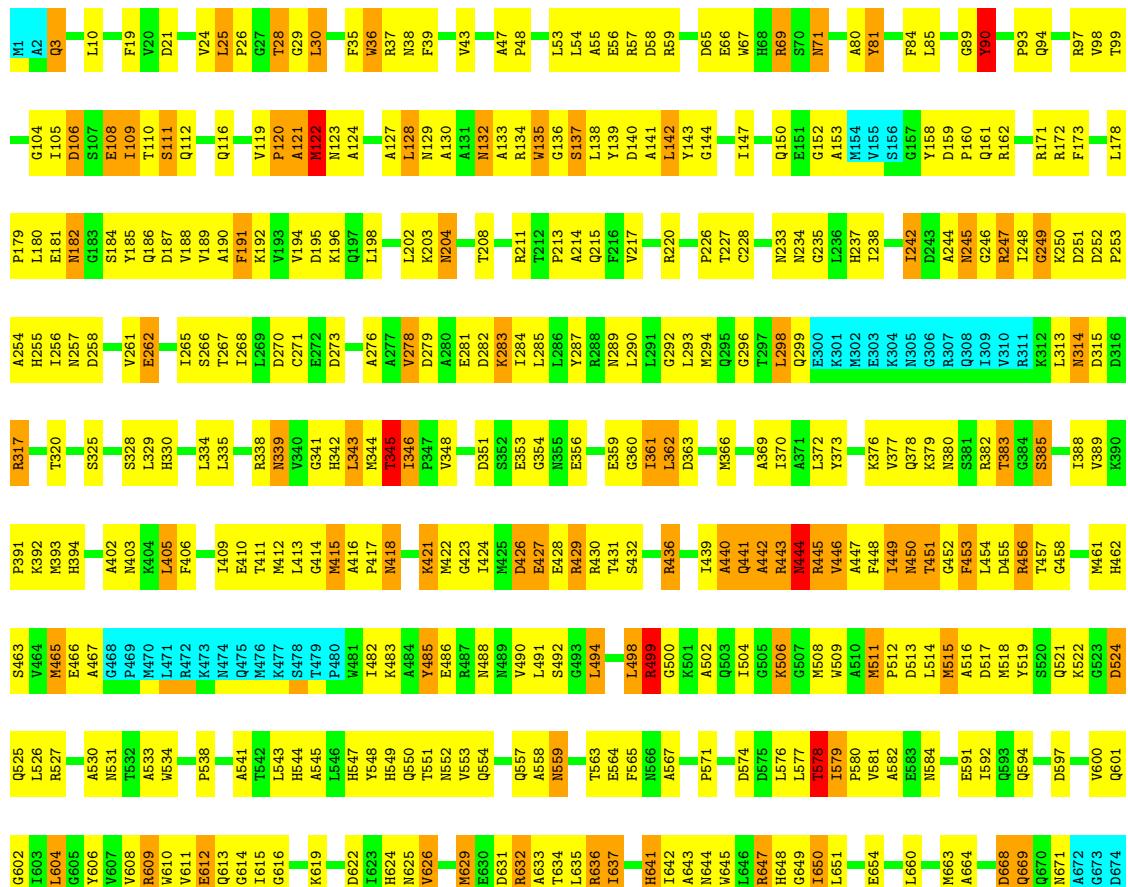




4.2.7 Score per residue for model 7

- Molecule 1: Malate synthase G

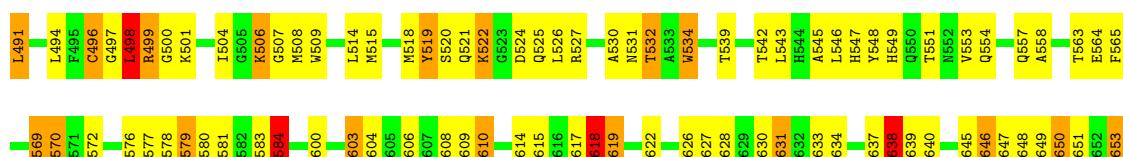
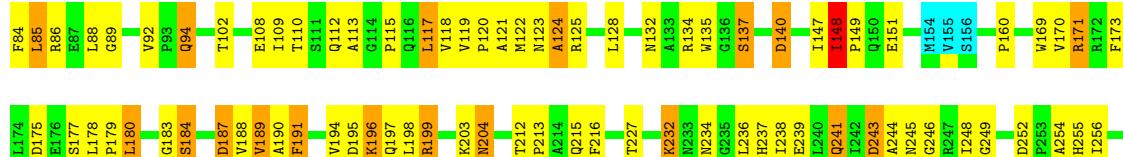
A horizontal progress bar for Chain A. The bar is divided into three segments: green (38%), yellow (42%), orange (11%), red (6%), and blue (6%). The total length of the bar is 100%, indicated by a black dot at the end.





4.2.8 Score per residue for model 8

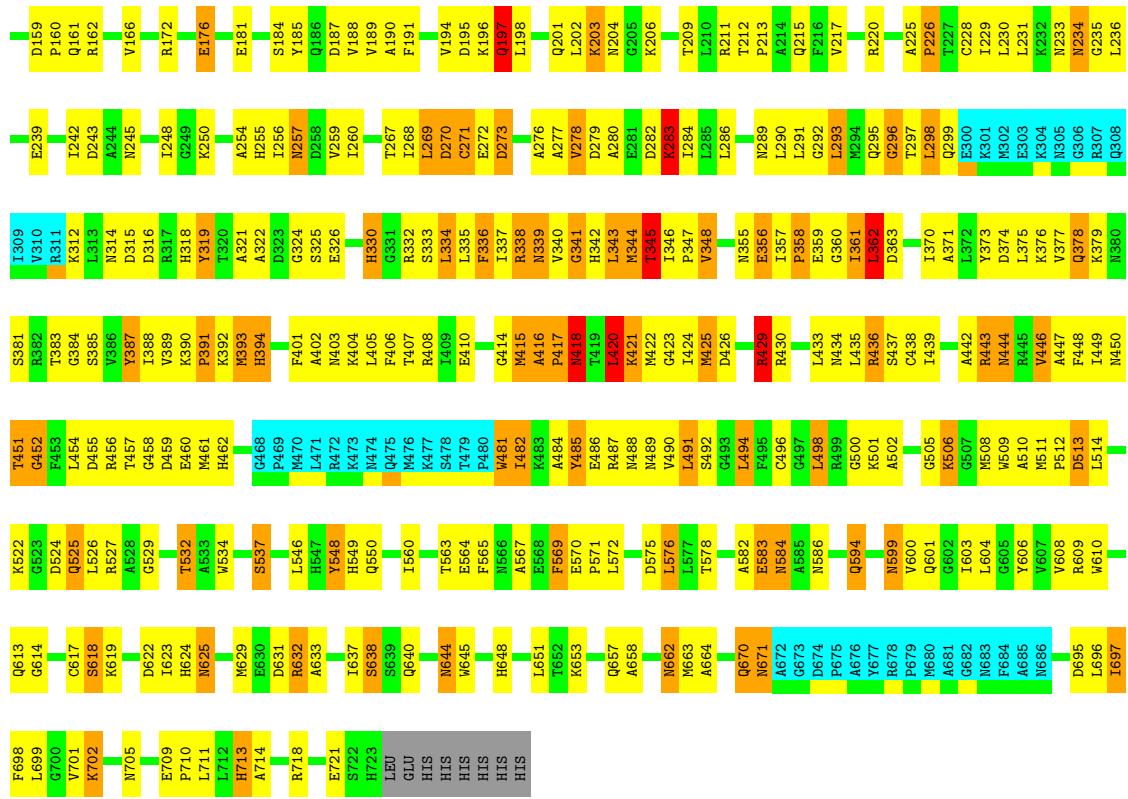
- Molecule 1: Malate synthase G



4.2.9 Score per residue for model 9

- Molecule 1: Malate synthase G

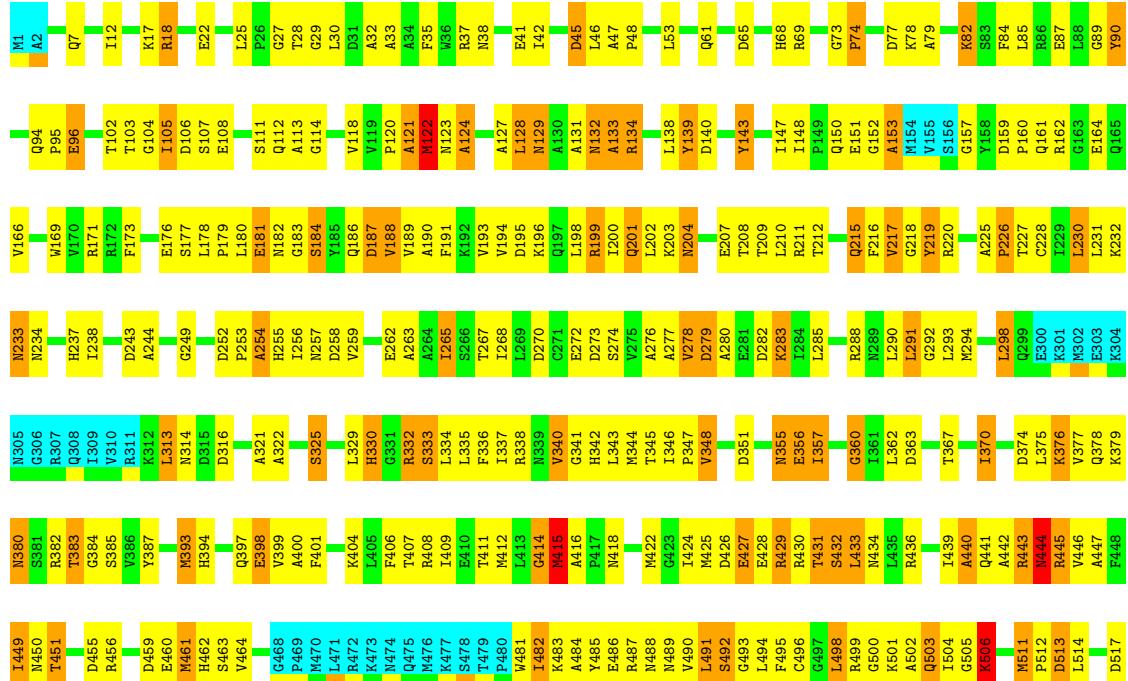


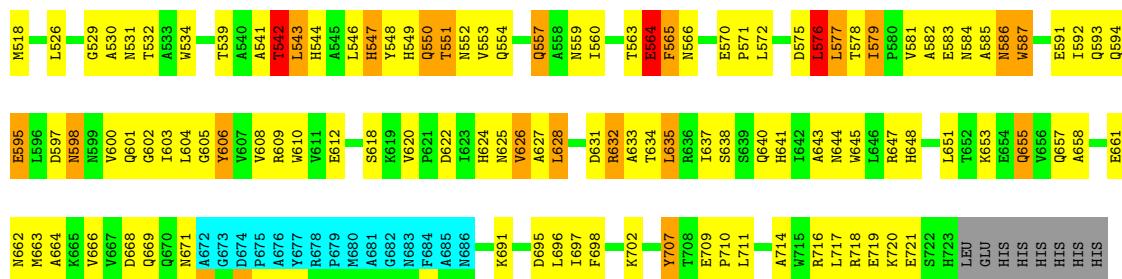


4.2.10 Score per residue for model 10

- Molecule 1: Malate synthase G

Chain A: 37% 42% 13% • 6% •





5 Refinement protocol and experimental data overview i

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

Of the 60 calculated structures, 10 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
X-PLOR-NIH	refinement	2.9.3

No chemical shift data was provided.

6 Model quality [\(i\)](#)

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

There are no covalent bond-length or bond-angle outliers.

There are no bond-length outliers.

There are no bond-angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

6.2 Too-close contacts [\(i\)](#)

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

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes
1	A	5310	5271	5254	388±21
All	All	53100	52710	52540	3883

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 37.

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

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:449:ILE:HD13	1:A:449:ILE:H	0.95	1.21	5	4
1:A:422:MET:O	1:A:447:ALA:HA	0.92	1.63	2	2
1:A:498:LEU:HD12	1:A:498:LEU:H	0.92	1.25	9	3
1:A:377:VAL:HG23	1:A:378:GLN:H	0.89	1.27	4	10
1:A:373:TYR:O	1:A:377:VAL:HG22	0.89	1.65	4	4
1:A:446:VAL:HG22	1:A:447:ALA:H	0.88	1.27	5	3
1:A:200:ILE:N	1:A:200:ILE:HD13	0.87	1.83	4	1
1:A:448:PHE:O	1:A:449:ILE:HD13	0.85	1.70	9	3
1:A:498:LEU:HD23	1:A:498:LEU:N	0.83	1.88	4	2
1:A:12:ILE:HD12	1:A:12:ILE:H	0.83	1.34	3	1
1:A:503:GLN:O	1:A:504:ILE:HD13	0.82	1.74	4	1
1:A:298:LEU:HD12	1:A:298:LEU:H	0.82	1.31	9	2
1:A:121:ALA:O	1:A:123:ASN:N	0.82	2.12	8	1
1:A:217:VAL:O	1:A:322:ALA:HB2	0.82	1.75	10	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:420:LEU:HD12	1:A:420:LEU:H	0.81	1.34	8	1
1:A:313:LEU:N	1:A:313:LEU:HD22	0.81	1.91	2	1
1:A:105:ILE:N	1:A:105:ILE:HD12	0.81	1.90	6	1
1:A:85:LEU:O	1:A:89:GLY:N	0.80	2.13	4	8
1:A:422:MET:O	1:A:447:ALA:HB3	0.79	1.76	5	5
1:A:449:ILE:H	1:A:449:ILE:HD12	0.79	1.36	4	2
1:A:336:PHE:O	1:A:337:ILE:HD13	0.79	1.76	10	1
1:A:335:LEU:N	1:A:335:LEU:HD22	0.79	1.93	6	3
1:A:109:ILE:HD11	1:A:448:PHE:CD2	0.78	2.13	1	1
1:A:120:PRO:O	1:A:122:MET:N	0.78	2.16	9	6
1:A:444:ASN:O	1:A:446:VAL:N	0.78	2.15	5	6
1:A:424:ILE:H	1:A:448:PHE:HB2	0.78	1.37	8	2
1:A:449:ILE:HD12	1:A:496:CYS:O	0.78	1.78	8	1
1:A:298:LEU:HD13	1:A:299:GLN:H	0.78	1.38	2	1
1:A:441:GLN:O	1:A:443:ARG:N	0.78	2.16	8	5
1:A:446:VAL:O	1:A:446:VAL:HG13	0.78	1.79	8	3
1:A:194:VAL:O	1:A:196:LYS:N	0.78	2.16	6	10
1:A:444:ASN:C	1:A:446:VAL:H	0.78	1.82	5	8
1:A:198:LEU:N	1:A:198:LEU:HD22	0.77	1.95	4	1
1:A:285:LEU:HD12	1:A:286:LEU:N	0.77	1.94	5	1
1:A:615:ILE:HD12	1:A:615:ILE:O	0.77	1.79	8	1
1:A:454:LEU:HD23	1:A:454:LEU:N	0.77	1.93	4	1
1:A:377:VAL:HG23	1:A:378:GLN:N	0.76	1.94	4	10
1:A:449:ILE:H	1:A:449:ILE:CD1	0.76	1.94	10	4
1:A:230:LEU:O	1:A:231:LEU:HD23	0.76	1.80	5	2
1:A:103:THR:HG22	1:A:104:GLY:H	0.76	1.41	2	1
1:A:441:GLN:C	1:A:443:ARG:H	0.75	1.82	8	7
1:A:119:VAL:HG23	1:A:119:VAL:O	0.75	1.81	8	2
1:A:219:TYR:CG	1:A:220:ARG:N	0.75	2.54	3	1
1:A:105:ILE:HD13	1:A:105:ILE:N	0.74	1.96	2	2
1:A:260:ILE:HD13	1:A:260:ILE:N	0.74	1.96	1	1
1:A:148:ILE:N	1:A:149:PRO:CD	0.74	2.49	5	2
1:A:697:ILE:N	1:A:697:ILE:HD13	0.73	1.98	9	1
1:A:259:VAL:C	1:A:260:ILE:HD13	0.73	2.04	1	1
1:A:481:TRP:O	1:A:485:TYR:N	0.73	2.21	10	2
1:A:504:ILE:O	1:A:505:GLY:O	0.73	2.06	6	2
1:A:109:ILE:CD1	1:A:447:ALA:HB1	0.73	2.14	8	2
1:A:12:ILE:N	1:A:12:ILE:HD13	0.73	1.98	1	1
1:A:345:THR:HG22	1:A:346:ILE:H	0.73	1.42	10	1
1:A:198:LEU:HD22	1:A:198:LEU:H	0.73	1.40	4	1
1:A:439:ILE:O	1:A:441:GLN:N	0.73	2.21	1	8

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:357:ILE:N	1:A:358:PRO:CD	0.72	2.52	1	2
1:A:615:ILE:HG22	1:A:616:GLY:H	0.72	1.44	3	1
1:A:361:ILE:HD13	1:A:361:ILE:H	0.72	1.45	9	1
1:A:454:LEU:HD22	1:A:457:THR:OG1	0.72	1.85	1	1
1:A:183:GLY:O	1:A:184:SER:CB	0.72	2.38	10	2
1:A:268:ILE:HD11	1:A:338:ARG:CZ	0.72	2.15	7	1
1:A:298:LEU:HD13	1:A:299:GLN:N	0.72	1.99	2	1
1:A:579:ILE:O	1:A:581:VAL:N	0.72	2.22	8	4
1:A:526:LEU:HD12	1:A:551:THR:OG1	0.71	1.84	2	1
1:A:446:VAL:CG1	1:A:446:VAL:O	0.71	2.37	9	2
1:A:449:ILE:HD13	1:A:449:ILE:N	0.71	2.00	2	4
1:A:628:LEU:N	1:A:628:LEU:HD22	0.71	2.00	10	1
1:A:446:VAL:HG22	1:A:447:ALA:N	0.71	1.99	5	2
1:A:194:VAL:C	1:A:196:LYS:H	0.71	1.89	9	10
1:A:422:MET:C	1:A:447:ALA:HB3	0.71	2.06	6	4
1:A:98:VAL:HG11	1:A:439:ILE:HG22	0.70	1.61	7	1
1:A:104:GLY:O	1:A:105:ILE:HG23	0.70	1.87	4	2
1:A:494:LEU:C	1:A:494:LEU:HD13	0.70	2.07	2	1
1:A:615:ILE:HG22	1:A:616:GLY:N	0.70	2.01	3	1
1:A:334:LEU:HD12	1:A:382:ARG:NH2	0.70	2.01	10	1
1:A:604:LEU:O	1:A:608:VAL:HG12	0.70	1.86	7	6
1:A:617:CYS:O	1:A:618:SER:CB	0.70	2.40	4	5
1:A:29:GLY:C	1:A:30:LEU:HD12	0.70	2.06	7	1
1:A:269:LEU:HD12	1:A:336:PHE:O	0.70	1.87	2	1
1:A:12:ILE:HD12	1:A:12:ILE:N	0.70	2.01	3	2
1:A:293:LEU:C	1:A:293:LEU:HD12	0.70	2.06	3	2
1:A:422:MET:O	1:A:447:ALA:CA	0.69	2.40	2	1
1:A:711:LEU:HD13	1:A:711:LEU:C	0.69	2.08	9	1
1:A:201:GLN:NE2	1:A:201:GLN:H	0.69	1.85	4	1
1:A:191:PHE:N	1:A:191:PHE:CD1	0.69	2.59	8	6
1:A:579:ILE:HD13	1:A:579:ILE:H	0.69	1.47	10	1
1:A:375:LEU:HD13	1:A:414:GLY:O	0.69	1.87	1	1
1:A:533:ALA:HB2	1:A:548:TYR:OH	0.69	1.87	7	1
1:A:389:VAL:HG23	1:A:389:VAL:O	0.69	1.87	1	1
1:A:581:VAL:O	1:A:581:VAL:HG13	0.69	1.88	1	4
1:A:105:ILE:HD11	1:A:421:LYS:NZ	0.69	2.02	6	1
1:A:290:LEU:HD13	1:A:290:LEU:C	0.69	2.08	10	2
1:A:265:ILE:HD12	1:A:265:ILE:N	0.69	2.03	7	1
1:A:584:ASN:N	1:A:584:ASN:HD22	0.69	1.85	8	2
1:A:134:ARG:CD	1:A:134:ARG:H	0.68	2.01	10	1
1:A:576:LEU:C	1:A:576:LEU:HD13	0.68	2.09	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:451:THR:HG23	1:A:485:TYR:OH	0.68	1.88	7	1
1:A:132:ASN:O	1:A:133:ALA:HB2	0.68	1.88	10	1
1:A:278:VAL:HG13	1:A:278:VAL:O	0.68	1.88	8	2
1:A:361:ILE:H	1:A:361:ILE:CD1	0.68	2.00	9	1
1:A:293:LEU:C	1:A:293:LEU:HD13	0.68	2.09	7	1
1:A:346:ILE:HD13	1:A:346:ILE:H	0.68	1.49	7	1
1:A:88:LEU:HD13	1:A:88:LEU:O	0.68	1.87	8	1
1:A:293:LEU:HD12	1:A:293:LEU:O	0.68	1.89	3	1
1:A:448:PHE:C	1:A:449:ILE:HD13	0.68	2.09	9	2
1:A:635:LEU:HD13	1:A:635:LEU:C	0.68	2.09	3	2
1:A:375:LEU:N	1:A:375:LEU:HD23	0.68	2.04	2	1
1:A:219:TYR:CE2	1:A:220:ARG:O	0.68	2.47	3	1
1:A:377:VAL:CG2	1:A:378:GLN:H	0.67	2.02	4	10
1:A:440:ALA:C	1:A:442:ALA:H	0.67	1.91	3	7
1:A:546:LEU:N	1:A:546:LEU:HD23	0.67	2.02	10	1
1:A:339:ASN:HB3	1:A:389:VAL:O	0.67	1.90	1	1
1:A:584:ASN:H	1:A:584:ASN:ND2	0.67	1.87	6	1
1:A:424:ILE:O	1:A:449:ILE:HG22	0.67	1.89	10	1
1:A:498:LEU:O	1:A:499:ARG:CB	0.67	2.42	3	4
1:A:511:MET:N	1:A:512:PRO:CD	0.67	2.58	7	6
1:A:108:GLU:O	1:A:112:GLN:O	0.67	2.12	2	2
1:A:200:ILE:N	1:A:200:ILE:CD1	0.67	2.56	4	1
1:A:103:THR:HG22	1:A:104:GLY:N	0.67	2.04	2	2
1:A:505:GLY:O	1:A:506:LYS:CB	0.67	2.42	2	1
1:A:420:LEU:HD12	1:A:420:LEU:N	0.67	2.04	8	1
1:A:134:ARG:NE	1:A:134:ARG:N	0.67	2.43	10	1
1:A:637:ILE:HD13	1:A:637:ILE:H	0.67	1.48	2	1
1:A:526:LEU:HD13	1:A:526:LEU:C	0.67	2.09	8	1
1:A:219:TYR:CD1	1:A:228:CYS:O	0.66	2.48	3	1
1:A:361:ILE:HD13	1:A:361:ILE:N	0.66	2.04	9	1
1:A:542:THR:O	1:A:544:HIS:N	0.66	2.28	10	1
1:A:325:SER:O	1:A:326:GLU:CB	0.66	2.43	5	3
1:A:343:LEU:HD23	1:A:343:LEU:N	0.66	2.05	5	2
1:A:260:ILE:N	1:A:260:ILE:HD12	0.66	2.05	6	2
1:A:439:ILE:O	1:A:442:ALA:N	0.66	2.29	4	4
1:A:362:LEU:HD23	1:A:362:LEU:H	0.66	1.49	7	3
1:A:581:VAL:HG23	1:A:581:VAL:O	0.66	1.90	6	1
1:A:216:PHE:O	1:A:216:PHE:CD1	0.66	2.49	2	1
1:A:242:ILE:HD12	1:A:242:ILE:N	0.66	2.05	6	1
1:A:709:GLU:N	1:A:710:PRO:CD	0.66	2.58	10	9
1:A:650:ILE:HD12	1:A:650:ILE:N	0.66	2.06	2	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:346:ILE:HD13	1:A:346:ILE:N	0.66	2.06	7	1
1:A:584:ASN:O	1:A:585:ALA:HB2	0.66	1.89	5	1
1:A:490:VAL:O	1:A:494:LEU:HB3	0.66	1.91	2	2
1:A:68:HIS:CE1	1:A:81:TYR:HH	0.65	2.08	1	1
1:A:579:ILE:HD13	1:A:579:ILE:N	0.65	2.06	10	1
1:A:57:ARG:N	1:A:57:ARG:NE	0.65	2.43	1	1
1:A:339:ASN:ND2	1:A:339:ASN:H	0.65	1.90	7	1
1:A:448:PHE:CZ	1:A:498:LEU:HD21	0.65	2.25	1	1
1:A:253:PRO:O	1:A:254:ALA:HB3	0.65	1.90	4	1
1:A:576:LEU:HD13	1:A:576:LEU:O	0.65	1.92	9	3
1:A:709:GLU:N	1:A:710:PRO:HD2	0.65	2.06	8	5
1:A:54:LEU:O	1:A:54:LEU:HD23	0.65	1.92	7	1
1:A:357:ILE:H	1:A:358:PRO:HD3	0.65	1.52	1	1
1:A:505:GLY:O	1:A:506:LYS:HB3	0.65	1.92	6	1
1:A:424:ILE:O	1:A:448:PHE:CZ	0.65	2.49	9	2
1:A:132:ASN:OD1	1:A:298:LEU:HD23	0.65	1.91	10	1
1:A:436:ARG:NE	1:A:499:ARG:NH2	0.65	2.44	5	1
1:A:269:LEU:O	1:A:270:ASP:CB	0.65	2.44	9	6
1:A:610:TRP:O	1:A:614:GLY:N	0.65	2.30	2	4
1:A:118:VAL:HG23	1:A:534:TRP:NE1	0.65	2.07	10	2
1:A:442:ALA:O	1:A:444:ASN:N	0.64	2.31	9	2
1:A:169:TRP:NE1	1:A:173:PHE:CZ	0.64	2.66	10	1
1:A:441:GLN:C	1:A:443:ARG:N	0.64	2.50	8	5
1:A:388:ILE:N	1:A:388:ILE:HD12	0.64	2.08	6	2
1:A:584:ASN:ND2	1:A:645:TRP:HE1	0.64	1.90	6	1
1:A:29:GLY:O	1:A:30:LEU:HD12	0.64	1.92	7	1
1:A:134:ARG:H	1:A:134:ARG:NE	0.64	1.89	10	1
1:A:162:ARG:O	1:A:166:VAL:HG23	0.64	1.93	5	4
1:A:387:TYR:N	1:A:387:TYR:CD1	0.64	2.65	3	1
1:A:339:ASN:HD21	1:A:364:GLY:N	0.64	1.90	6	1
1:A:498:LEU:HD12	1:A:498:LEU:N	0.64	2.05	9	2
1:A:148:ILE:H	1:A:149:PRO:HD2	0.64	1.53	8	1
1:A:488:ASN:ND2	1:A:489:ASN:N	0.64	2.44	5	1
1:A:47:ALA:HB3	1:A:48:PRO:CD	0.64	2.23	1	4
1:A:208:THR:HG22	1:A:209:THR:N	0.64	2.07	3	2
1:A:201:GLN:H	1:A:201:GLN:HE21	0.64	1.33	4	1
1:A:587:TRP:CD1	1:A:587:TRP:N	0.64	2.62	4	2
1:A:237:HIS:CD2	1:A:237:HIS:H	0.64	2.07	7	1
1:A:600:VAL:HG23	1:A:601:GLN:N	0.64	2.06	9	1
1:A:337:ILE:N	1:A:337:ILE:HD13	0.64	2.08	4	1
1:A:481:TRP:CD1	1:A:578:THR:HG21	0.64	2.27	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:490:VAL:O	1:A:494:LEU:HB2	0.64	1.93	7	2
1:A:585:ALA:O	1:A:586:ASN:CB	0.64	2.46	6	1
1:A:548:TYR:CD1	1:A:549:HIS:N	0.64	2.66	9	1
1:A:488:ASN:HD21	1:A:572:LEU:HD22	0.64	1.53	10	1
1:A:637:ILE:HG22	1:A:637:ILE:O	0.63	1.92	8	1
1:A:122:MET:SD	1:A:122:MET:N	0.63	2.71	1	1
1:A:647:ARG:HE	1:A:647:ARG:N	0.63	1.92	3	1
1:A:436:ARG:HE	1:A:499:ARG:NH2	0.63	1.91	5	1
1:A:25:LEU:HD13	1:A:30:LEU:O	0.63	1.92	10	1
1:A:416:ALA:HB1	1:A:417:PRO:CD	0.63	2.24	3	2
1:A:453:PHE:N	1:A:453:PHE:CD1	0.63	2.64	1	2
1:A:372:LEU:HD12	1:A:372:LEU:C	0.63	2.14	2	1
1:A:237:HIS:N	1:A:237:HIS:CD2	0.63	2.67	3	1
1:A:424:ILE:H	1:A:424:ILE:HD12	0.63	1.53	5	2
1:A:134:ARG:N	1:A:134:ARG:HE	0.63	1.91	10	1
1:A:422:MET:O	1:A:447:ALA:N	0.63	2.31	10	3
1:A:253:PRO:O	1:A:254:ALA:HB2	0.63	1.92	10	1
1:A:204:ASN:N	1:A:204:ASN:ND2	0.63	2.47	7	1
1:A:149:PRO:O	1:A:151:GLU:N	0.63	2.31	5	1
1:A:525:GLN:N	1:A:525:GLN:NE2	0.63	2.46	9	1
1:A:230:LEU:C	1:A:230:LEU:HD12	0.63	2.14	10	1
1:A:436:ARG:O	1:A:440:ALA:HB2	0.63	1.93	8	1
1:A:456:ARG:NH1	1:A:485:TYR:CD1	0.63	2.66	1	1
1:A:394:HIS:NE2	1:A:438:CYS:SG	0.63	2.71	4	1
1:A:632:ARG:HH21	1:A:633:ALA:HB2	0.63	1.54	5	1
1:A:584:ASN:HD22	1:A:645:TRP:HE1	0.63	1.37	6	1
1:A:191:PHE:CD1	1:A:191:PHE:N	0.63	2.65	7	1
1:A:342:HIS:N	1:A:342:HIS:CD2	0.63	2.67	8	1
1:A:355:ASN:ND2	1:A:355:ASN:N	0.62	2.46	4	1
1:A:444:ASN:C	1:A:446:VAL:N	0.62	2.51	5	5
1:A:279:ASP:O	1:A:281:GLU:N	0.62	2.31	2	3
1:A:122:MET:N	1:A:122:MET:SD	0.62	2.73	5	1
1:A:210:LEU:O	1:A:212:THR:N	0.62	2.32	1	1
1:A:563:THR:HG22	1:A:564:GLU:N	0.62	2.09	8	2
1:A:35:PHE:CZ	1:A:39:PHE:CE2	0.62	2.87	9	2
1:A:278:VAL:HG12	1:A:278:VAL:O	0.62	1.94	1	1
1:A:504:ILE:O	1:A:505:GLY:C	0.62	2.38	2	2
1:A:498:LEU:N	1:A:498:LEU:CD2	0.62	2.57	10	2
1:A:342:HIS:ND1	1:A:342:HIS:N	0.62	2.47	5	1
1:A:271:CYS:SG	1:A:632:ARG:NH2	0.62	2.73	1	1
1:A:236:LEU:HD23	1:A:237:HIS:N	0.62	2.09	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:319:TYR:CD1	1:A:319:TYR:N	0.62	2.67	2	1
1:A:336:PHE:C	1:A:337:ILE:HD13	0.62	2.14	4	1
1:A:446:VAL:CG2	1:A:447:ALA:H	0.62	2.05	5	1
1:A:119:VAL:O	1:A:119:VAL:CG2	0.62	2.47	8	1
1:A:443:ARG:O	1:A:444:ASN:CB	0.62	2.48	8	8
1:A:123:ASN:N	1:A:123:ASN:ND2	0.61	2.47	4	1
1:A:387:TYR:CD1	1:A:387:TYR:N	0.61	2.64	6	3
1:A:557:GLN:NE2	1:A:557:GLN:N	0.61	2.47	6	1
1:A:449:ILE:HD11	1:A:499:ARG:HH11	0.61	1.55	8	1
1:A:414:GLY:O	1:A:416:ALA:N	0.61	2.33	7	3
1:A:43:VAL:O	1:A:47:ALA:HB3	0.61	1.95	5	2
1:A:442:ALA:HB1	1:A:446:VAL:HG23	0.61	1.71	5	1
1:A:209:THR:HG22	1:A:210:LEU:N	0.61	2.08	6	2
1:A:177:SER:O	1:A:178:LEU:HD12	0.61	1.95	8	1
1:A:35:PHE:CE2	1:A:39:PHE:CZ	0.61	2.88	9	1
1:A:17:LYS:O	1:A:21:ASP:N	0.61	2.30	3	2
1:A:94:GLN:N	1:A:94:GLN:NE2	0.61	2.48	5	1
1:A:436:ARG:NH2	1:A:569:PHE:CZ	0.61	2.67	8	1
1:A:90:TYR:CE1	1:A:394:HIS:NE2	0.61	2.68	5	1
1:A:451:THR:HG22	1:A:452:GLY:N	0.61	2.09	7	1
1:A:415:MET:O	1:A:416:ALA:HB3	0.61	1.93	2	3
1:A:216:PHE:CD1	1:A:217:VAL:N	0.61	2.69	3	1
1:A:257:ASN:HD22	1:A:258:ASP:N	0.61	1.93	4	1
1:A:422:MET:O	1:A:447:ALA:O	0.61	2.19	9	3
1:A:565:PHE:CD2	1:A:566:ASN:N	0.61	2.68	5	1
1:A:362:LEU:HD23	1:A:362:LEU:N	0.61	2.10	10	2
1:A:187:ASP:OD1	1:A:187:ASP:N	0.61	2.33	8	3
1:A:382:ARG:N	1:A:382:ARG:NE	0.61	2.48	4	1
1:A:531:ASN:HD22	1:A:532:THR:N	0.61	1.94	4	1
1:A:456:ARG:HE	1:A:456:ARG:N	0.61	1.93	7	1
1:A:216:PHE:CG	1:A:216:PHE:O	0.61	2.53	8	1
1:A:118:VAL:HG23	1:A:534:TRP:HE1	0.61	1.56	3	2
1:A:565:PHE:CG	1:A:566:ASN:N	0.61	2.68	5	1
1:A:110:THR:O	1:A:111:SER:CB	0.61	2.48	7	1
1:A:377:VAL:CG2	1:A:378:GLN:N	0.61	2.63	8	10
1:A:490:VAL:O	1:A:494:LEU:CB	0.61	2.49	3	3
1:A:414:GLY:O	1:A:415:MET:CB	0.61	2.47	8	2
1:A:314:ASN:N	1:A:314:ASN:HD22	0.61	1.94	4	1
1:A:90:TYR:CZ	1:A:394:HIS:NE2	0.61	2.69	5	1
1:A:219:TYR:CD1	1:A:219:TYR:N	0.61	2.68	10	2
1:A:194:VAL:C	1:A:196:LYS:N	0.61	2.53	9	10

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:271:CYS:SG	1:A:636:ARG:NE	0.61	2.74	1	1
1:A:116:GLN:NE2	1:A:534:TRP:HE1	0.61	1.93	7	1
1:A:498:LEU:HD13	1:A:498:LEU:H	0.61	1.54	8	1
1:A:505:GLY:O	1:A:506:LYS:C	0.61	2.39	10	1
1:A:313:LEU:N	1:A:313:LEU:CD2	0.60	2.64	2	1
1:A:297:THR:O	1:A:299:GLN:N	0.60	2.34	6	2
1:A:382:ARG:N	1:A:382:ARG:HE	0.60	1.94	4	1
1:A:394:HIS:O	1:A:395:GLY:C	0.60	2.40	4	1
1:A:123:ASN:O	1:A:124:ALA:HB3	0.60	1.96	5	1
1:A:620:VAL:HG22	1:A:628:LEU:O	0.60	1.96	10	1
1:A:298:LEU:N	1:A:298:LEU:HD12	0.60	2.11	1	2
1:A:645:TRP:O	1:A:649:GLY:N	0.60	2.34	8	4
1:A:136:GLY:O	1:A:137:SER:CB	0.60	2.48	4	2
1:A:116:GLN:NE2	1:A:116:GLN:N	0.60	2.49	5	1
1:A:626:VAL:O	1:A:627:ALA:HB2	0.60	1.96	1	2
1:A:334:LEU:HD21	1:A:387:TYR:CE2	0.60	2.31	3	1
1:A:489:ASN:OD1	1:A:489:ASN:N	0.60	2.34	3	2
1:A:242:ILE:HD12	1:A:242:ILE:H	0.60	1.57	6	1
1:A:57:ARG:NH2	1:A:429:ARG:NH2	0.60	2.50	2	1
1:A:552:ASN:ND2	1:A:554:GLN:H	0.60	1.95	2	2
1:A:415:MET:O	1:A:416:ALA:HB2	0.60	1.95	9	3
1:A:421:LYS:CB	1:A:421:LYS:NZ	0.60	2.64	7	1
1:A:609:ARG:NH2	1:A:610:TRP:NE1	0.60	2.50	7	1
1:A:711:LEU:HD12	1:A:712:LEU:N	0.60	2.11	7	1
1:A:93:PRO:O	1:A:94:GLN:NE2	0.60	2.35	4	2
1:A:394:HIS:CD2	1:A:438:CYS:SG	0.60	2.95	4	1
1:A:334:LEU:C	1:A:334:LEU:HD12	0.60	2.17	9	1
1:A:518:MET:SD	1:A:518:MET:N	0.60	2.74	2	1
1:A:43:VAL:O	1:A:47:ALA:HB2	0.60	1.96	8	3
1:A:57:ARG:NH2	1:A:429:ARG:HH21	0.60	1.94	2	1
1:A:228:CYS:SG	1:A:229:ILE:N	0.60	2.74	3	2
1:A:393:MET:SD	1:A:429:ARG:NH2	0.60	2.75	10	2
1:A:434:ASN:ND2	1:A:436:ARG:HH22	0.60	1.94	9	1
1:A:343:LEU:HD12	1:A:343:LEU:N	0.60	2.12	1	1
1:A:11:ARG:O	1:A:12:ILE:HG23	0.60	1.96	4	4
1:A:650:ILE:HG22	1:A:650:ILE:O	0.60	1.96	7	2
1:A:671:ASN:H	1:A:671:ASN:HD22	0.60	1.37	6	1
1:A:344:MET:SD	1:A:713:HIS:CE1	0.60	2.94	7	1
1:A:456:ARG:N	1:A:456:ARG:NE	0.60	2.50	7	1
1:A:134:ARG:NH1	1:A:382:ARG:NH2	0.60	2.48	8	1
1:A:334:LEU:HD23	1:A:336:PHE:CE1	0.60	2.32	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:422:MET:H	1:A:447:ALA:HB2	0.60	1.57	5	1
1:A:105:ILE:HD12	1:A:105:ILE:H	0.60	1.52	6	1
1:A:134:ARG:NH2	1:A:237:HIS:NE2	0.60	2.49	7	1
1:A:298:LEU:H	1:A:298:LEU:CD1	0.60	2.08	7	1
1:A:418:ASN:ND2	1:A:418:ASN:N	0.60	2.49	7	1
1:A:124:ALA:O	1:A:298:LEU:HD23	0.60	1.97	9	1
1:A:389:VAL:HG12	1:A:425:MET:SD	0.60	2.36	9	1
1:A:188:VAL:HG12	1:A:189:VAL:N	0.60	2.12	7	10
1:A:105:ILE:N	1:A:105:ILE:CD1	0.60	2.64	2	2
1:A:518:MET:SD	1:A:522:LYS:NZ	0.60	2.75	7	2
1:A:602:GLY:O	1:A:606:TYR:CD2	0.60	2.54	10	2
1:A:135:TRP:CG	1:A:135:TRP:O	0.60	2.54	9	1
1:A:374:ASP:O	1:A:377:VAL:CG2	0.59	2.49	3	3
1:A:119:VAL:HG21	1:A:269:LEU:HD23	0.59	1.74	2	1
1:A:424:ILE:O	1:A:448:PHE:CD1	0.59	2.56	3	1
1:A:94:GLN:NE2	1:A:437:SER:OG	0.59	2.35	4	1
1:A:355:ASN:N	1:A:355:ASN:HD22	0.59	1.94	10	2
1:A:454:LEU:N	1:A:454:LEU:CD2	0.59	2.65	4	1
1:A:484:ALA:O	1:A:488:ASN:N	0.59	2.29	6	1
1:A:119:VAL:HG23	1:A:269:LEU:HA	0.59	1.74	2	1
1:A:135:TRP:O	1:A:261:VAL:O	0.59	2.19	6	2
1:A:192:LYS:NZ	1:A:199:ARG:HH21	0.59	1.95	4	1
1:A:635:LEU:HD12	1:A:636:ARG:NH1	0.59	2.12	4	1
1:A:450:ASN:OD1	1:A:451:THR:N	0.59	2.35	6	2
1:A:57:ARG:NH1	1:A:429:ARG:HE	0.59	1.95	2	1
1:A:159:ASP:N	1:A:159:ASP:OD1	0.59	2.35	7	2
1:A:577:LEU:N	1:A:577:LEU:HD22	0.59	2.11	10	3
1:A:339:ASN:ND2	1:A:364:GLY:N	0.59	2.50	6	1
1:A:47:ALA:HB3	1:A:48:PRO:HD3	0.59	1.74	10	6
1:A:57:ARG:NH1	1:A:429:ARG:NE	0.59	2.51	2	1
1:A:330:HIS:ND1	1:A:330:HIS:N	0.59	2.47	9	2
1:A:88:LEU:HD13	1:A:88:LEU:C	0.59	2.18	8	1
1:A:653:LYS:CD	1:A:653:LYS:H	0.59	2.10	8	1
1:A:200:ILE:O	1:A:207:GLU:O	0.59	2.21	4	1
1:A:35:PHE:CZ	1:A:39:PHE:CD2	0.59	2.91	3	1
1:A:233:ASN:N	1:A:233:ASN:HD22	0.59	1.96	3	1
1:A:345:THR:N	1:A:359:GLU:OE1	0.59	2.35	7	1
1:A:343:LEU:H	1:A:343:LEU:HD23	0.59	1.57	9	1
1:A:586:ASN:N	1:A:586:ASN:HD22	0.59	1.95	10	1
1:A:390:LYS:O	1:A:392:LYS:N	0.59	2.35	4	1
1:A:67:TRP:CH2	1:A:84:PHE:CD2	0.59	2.90	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:546:LEU:O	1:A:549:HIS:ND1	0.59	2.35	8	1
1:A:600:VAL:HG23	1:A:601:GLN:H	0.59	1.57	9	1
1:A:422:MET:SD	1:A:447:ALA:HB2	0.59	2.38	1	1
1:A:663:MET:SD	1:A:663:MET:N	0.59	2.75	1	1
1:A:411:THR:O	1:A:415:MET:N	0.59	2.36	10	3
1:A:436:ARG:NE	1:A:436:ARG:H	0.59	1.94	7	1
1:A:204:ASN:OD1	1:A:204:ASN:N	0.59	2.36	10	3
1:A:337:ILE:HG22	1:A:338:ARG:N	0.59	2.13	1	1
1:A:515:MET:N	1:A:515:MET:SD	0.59	2.75	6	2
1:A:180:LEU:O	1:A:181:GLU:C	0.59	2.41	3	5
1:A:194:VAL:HG21	1:A:199:ARG:CG	0.59	2.27	3	2
1:A:557:GLN:H	1:A:557:GLN:HE21	0.59	1.40	6	1
1:A:339:ASN:ND2	1:A:339:ASN:N	0.59	2.51	7	1
1:A:506:LYS:H	1:A:506:LYS:CD	0.59	2.11	9	1
1:A:422:MET:O	1:A:447:ALA:CB	0.59	2.51	7	5
1:A:15:ASN:HD22	1:A:16:PHE:H	0.59	1.40	3	1
1:A:335:LEU:N	1:A:335:LEU:CD2	0.59	2.66	6	2
1:A:482:ILE:CG2	1:A:483:LYS:N	0.59	2.66	10	2
1:A:332:ARG:O	1:A:382:ARG:NH2	0.59	2.36	10	1
1:A:187:ASP:O	1:A:203:LYS:N	0.58	2.36	8	8
1:A:123:ASN:ND2	1:A:124:ALA:H	0.58	1.96	3	1
1:A:135:TRP:O	1:A:135:TRP:CD2	0.58	2.56	9	2
1:A:699:LEU:O	1:A:703:GLN:N	0.58	2.36	4	1
1:A:340:VAL:HG22	1:A:341:GLY:N	0.58	2.13	5	2
1:A:584:ASN:O	1:A:585:ALA:CB	0.58	2.51	5	1
1:A:129:ASN:ND2	1:A:134:ARG:HE	0.58	1.96	9	1
1:A:635:LEU:HD23	1:A:635:LEU:O	0.58	1.97	2	2
1:A:350:TRP:CD1	1:A:350:TRP:N	0.58	2.71	3	2
1:A:436:ARG:H	1:A:436:ARG:HE	0.58	1.40	7	1
1:A:249:GLY:N	1:A:257:ASN:HD21	0.58	1.96	10	1
1:A:431:THR:OG1	1:A:432:SER:N	0.58	2.37	7	2
1:A:660:LEU:O	1:A:664:ALA:N	0.58	2.37	7	1
1:A:122:MET:SD	1:A:290:LEU:N	0.58	2.75	10	1
1:A:180:LEU:C	1:A:182:ASN:H	0.58	2.01	10	1
1:A:377:VAL:O	1:A:379:LYS:N	0.58	2.36	9	3
1:A:89:GLY:O	1:A:90:TYR:CD2	0.58	2.57	7	1
1:A:204:ASN:ND2	1:A:204:ASN:H	0.58	1.97	7	1
1:A:342:HIS:N	1:A:359:GLU:CD	0.58	2.56	7	1
1:A:649:GLY:O	1:A:650:ILE:HG22	0.58	1.98	8	1
1:A:132:ASN:N	1:A:132:ASN:ND2	0.58	2.51	3	1
1:A:117:LEU:HD13	1:A:118:VAL:N	0.58	2.14	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:579:ILE:N	1:A:579:ILE:CD1	0.58	2.66	10	1
1:A:709:GLU:OE1	1:A:709:GLU:N	0.58	2.34	2	1
1:A:634:THR:O	1:A:638:SER:N	0.58	2.37	10	2
1:A:25:LEU:HD22	1:A:29:GLY:HA3	0.58	1.76	7	1
1:A:292:GLY:O	1:A:296:GLY:N	0.58	2.36	7	2
1:A:508:MET:SD	1:A:508:MET:N	0.58	2.76	7	1
1:A:129:ASN:O	1:A:134:ARG:N	0.58	2.37	9	1
1:A:606:TYR:N	1:A:606:TYR:CD1	0.58	2.68	10	1
1:A:189:VAL:HG23	1:A:190:ALA:N	0.58	2.13	1	7
1:A:603:ILE:CG1	1:A:604:LEU:N	0.58	2.66	2	2
1:A:138:LEU:HD11	1:A:546:LEU:HD21	0.58	1.75	3	1
1:A:442:ALA:CA	1:A:446:VAL:HG11	0.58	2.29	4	3
1:A:608:VAL:HG13	1:A:609:ARG:N	0.58	2.13	8	4
1:A:121:ALA:O	1:A:122:MET:HB2	0.58	1.97	10	4
1:A:234:ASN:ND2	1:A:549:HIS:CE1	0.58	2.72	5	1
1:A:645:TRP:O	1:A:647:ARG:N	0.58	2.37	6	1
1:A:668:ASP:OD1	1:A:669:GLN:N	0.58	2.37	7	1
1:A:498:LEU:CD2	1:A:499:ARG:N	0.58	2.67	8	1
1:A:216:PHE:O	1:A:216:PHE:CG	0.58	2.57	2	1
1:A:338:ARG:NH2	1:A:456:ARG:CZ	0.58	2.67	3	1
1:A:424:ILE:H	1:A:448:PHE:CB	0.58	2.11	8	2
1:A:446:VAL:O	1:A:446:VAL:CG1	0.58	2.50	8	1
1:A:210:LEU:C	1:A:212:THR:H	0.58	2.02	1	1
1:A:416:ALA:HB1	1:A:417:PRO:HD2	0.58	1.76	1	4
1:A:282:ASP:O	1:A:284:ILE:N	0.58	2.37	7	5
1:A:202:LEU:N	1:A:206:LYS:HA	0.58	2.13	4	1
1:A:355:ASN:O	1:A:356:GLU:C	0.58	2.42	5	3
1:A:197:GLN:NE2	1:A:198:LEU:H	0.58	1.96	5	1
1:A:289:ASN:O	1:A:293:LEU:N	0.58	2.36	7	2
1:A:324:GLY:O	1:A:325:SER:C	0.58	2.42	8	4
1:A:393:MET:SD	1:A:393:MET:N	0.58	2.76	4	2
1:A:440:ALA:O	1:A:442:ALA:N	0.58	2.36	3	3
1:A:403:ASN:HD21	1:A:443:ARG:CB	0.58	2.12	2	1
1:A:577:LEU:N	1:A:577:LEU:CD2	0.58	2.67	10	3
1:A:534:TRP:CH2	1:A:633:ALA:HB2	0.58	2.34	3	1
1:A:498:LEU:CD2	1:A:498:LEU:H	0.58	2.12	10	2
1:A:330:HIS:H	1:A:330:HIS:CD2	0.58	2.17	6	1
1:A:362:LEU:O	1:A:366:MET:N	0.58	2.37	7	1
1:A:361:ILE:CD1	1:A:361:ILE:N	0.58	2.67	9	1
1:A:439:ILE:C	1:A:441:GLN:N	0.57	2.57	8	8
1:A:57:ARG:HH22	1:A:429:ARG:HH21	0.57	1.40	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:705:ASN:O	1:A:707:TYR:N	0.57	2.35	2	1
1:A:119:VAL:HG12	1:A:130:ALA:HB1	0.57	1.73	3	1
1:A:325:SER:O	1:A:326:GLU:HB3	0.57	1.99	5	1
1:A:38:ASN:ND2	1:A:412:MET:SD	0.57	2.77	7	1
1:A:383:THR:O	1:A:385:SER:N	0.57	2.36	8	8
1:A:394:HIS:ND1	1:A:394:HIS:N	0.57	2.48	2	1
1:A:416:ALA:HB3	1:A:417:PRO:HD3	0.57	1.74	5	1
1:A:552:ASN:N	1:A:552:ASN:ND2	0.57	2.51	5	1
1:A:461:MET:O	1:A:465:MET:N	0.57	2.37	1	5
1:A:57:ARG:HH12	1:A:429:ARG:HE	0.57	1.40	2	1
1:A:208:THR:CG2	1:A:209:THR:N	0.57	2.67	2	2
1:A:343:LEU:N	1:A:343:LEU:HD22	0.57	2.13	6	1
1:A:436:ARG:NH1	1:A:499:ARG:NH1	0.57	2.52	10	1
1:A:219:TYR:CZ	1:A:220:ARG:O	0.57	2.56	3	1
1:A:338:ARG:CZ	1:A:456:ARG:NH2	0.57	2.67	3	1
1:A:433:LEU:HD13	1:A:433:LEU:O	0.57	1.98	6	2
1:A:635:LEU:HD13	1:A:635:LEU:O	0.57	1.99	4	3
1:A:123:ASN:N	1:A:123:ASN:HD22	0.57	1.97	4	1
1:A:671:ASN:HD22	1:A:671:ASN:N	0.57	1.97	6	1
1:A:424:ILE:O	1:A:448:PHE:CE2	0.57	2.58	9	2
1:A:495:PHE:CZ	1:A:561:ALA:CB	0.57	2.88	1	1
1:A:16:PHE:CD2	1:A:284:ILE:CD1	0.57	2.87	9	1
1:A:449:ILE:HG21	1:A:502:ALA:HB1	0.57	1.74	9	1
1:A:342:HIS:CG	1:A:343:LEU:N	0.57	2.71	10	1
1:A:127:ALA:O	1:A:131:ALA:N	0.57	2.38	10	4
1:A:162:ARG:O	1:A:166:VAL:N	0.57	2.33	1	1
1:A:24:VAL:O	1:A:28:THR:HG23	0.57	1.99	2	2
1:A:198:LEU:N	1:A:198:LEU:CD2	0.57	2.68	4	1
1:A:21:ASP:OD1	1:A:22:GLU:N	0.57	2.38	5	1
1:A:612:GLU:N	1:A:612:GLU:OE1	0.57	2.37	7	1
1:A:420:LEU:H	1:A:420:LEU:CD1	0.57	2.09	8	1
1:A:436:ARG:NH1	1:A:496:CYS:O	0.57	2.37	10	1
1:A:626:VAL:HG12	1:A:627:ALA:N	0.57	2.14	3	4
1:A:253:PRO:O	1:A:254:ALA:CB	0.57	2.53	4	2
1:A:357:ILE:O	1:A:358:PRO:O	0.57	2.23	4	2
1:A:449:ILE:HD12	1:A:449:ILE:N	0.57	2.14	6	2
1:A:142:LEU:HD12	1:A:143:TYR:N	0.57	2.13	5	1
1:A:391:PRO:O	1:A:392:LYS:CB	0.57	2.53	6	4
1:A:644:ASN:N	1:A:644:ASN:HD22	0.57	1.97	9	2
1:A:35:PHE:CE1	1:A:39:PHE:CZ	0.57	2.92	8	1
1:A:139:TYR:CD1	1:A:140:ASP:N	0.57	2.72	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:125:ARG:H	1:A:125:ARG:HE	0.57	1.40	1	1
1:A:710:PRO:O	1:A:713:HIS:ND1	0.57	2.38	9	1
1:A:436:ARG:NH1	1:A:499:ARG:HH12	0.57	1.98	10	1
1:A:549:HIS:C	1:A:551:THR:H	0.57	2.03	10	1
1:A:366:MET:SD	1:A:366:MET:N	0.57	2.78	1	1
1:A:403:ASN:OD1	1:A:445:ARG:NH2	0.57	2.37	3	1
1:A:314:ASN:N	1:A:314:ASN:ND2	0.57	2.51	4	1
1:A:337:ILE:HB	1:A:388:ILE:HG22	0.57	1.77	5	1
1:A:577:LEU:C	1:A:578:THR:HG23	0.57	2.20	5	1
1:A:89:GLY:O	1:A:90:TYR:CB	0.57	2.53	10	2
1:A:413:LEU:HD22	1:A:413:LEU:N	0.57	2.15	7	1
1:A:57:ARG:N	1:A:57:ARG:HE	0.57	1.97	1	1
1:A:198:LEU:H	1:A:198:LEU:CD2	0.57	2.12	4	1
1:A:94:GLN:NE2	1:A:94:GLN:H	0.57	1.97	5	1
1:A:247:ARG:HH11	1:A:247:ARG:H	0.57	1.43	7	1
1:A:713:HIS:CG	1:A:714:ALA:N	0.57	2.72	9	1
1:A:138:LEU:O	1:A:141:ALA:N	0.56	2.38	1	1
1:A:568:GLU:N	1:A:568:GLU:OE1	0.56	2.38	1	1
1:A:449:ILE:CD1	1:A:449:ILE:N	0.56	2.68	7	4
1:A:624:HIS:O	1:A:625:ASN:CB	0.56	2.53	6	5
1:A:121:ALA:O	1:A:122:MET:CB	0.56	2.53	7	2
1:A:357:ILE:H	1:A:358:PRO:CD	0.56	2.10	1	1
1:A:109:ILE:O	1:A:501:LYS:NZ	0.56	2.33	2	1
1:A:335:LEU:O	1:A:387:TYR:CZ	0.56	2.58	8	1
1:A:342:HIS:ND1	1:A:343:LEU:N	0.56	2.53	10	1
1:A:12:ILE:N	1:A:12:ILE:CD1	0.56	2.65	1	2
1:A:91:LEU:O	1:A:92:VAL:HG13	0.56	2.00	1	1
1:A:120:PRO:C	1:A:122:MET:H	0.56	2.03	9	6
1:A:260:ILE:N	1:A:260:ILE:CD1	0.56	2.63	1	4
1:A:406:PHE:O	1:A:445:ARG:NH1	0.56	2.39	1	1
1:A:641:HIS:NE2	1:A:645:TRP:NE1	0.56	2.54	1	1
1:A:427:GLU:OE2	1:A:456:ARG:NH1	0.56	2.38	4	1
1:A:498:LEU:HD23	1:A:498:LEU:H	0.56	1.58	10	2
1:A:394:HIS:CD2	1:A:397:GLN:NE2	0.56	2.73	5	1
1:A:560:ILE:O	1:A:563:THR:HG22	0.56	1.99	5	1
1:A:632:ARG:CD	1:A:632:ARG:H	0.56	2.12	9	2
1:A:209:THR:HG22	1:A:210:LEU:H	0.56	1.59	6	1
1:A:543:LEU:O	1:A:547:HIS:CE1	0.56	2.58	7	1
1:A:375:LEU:O	1:A:378:GLN:CG	0.56	2.53	10	1
1:A:494:LEU:HD13	1:A:495:PHE:N	0.56	2.15	2	1
1:A:107:SER:O	1:A:111:SER:N	0.56	2.39	9	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:108:GLU:OE1	1:A:109:ILE:N	0.56	2.39	6	1
1:A:355:ASN:O	1:A:356:GLU:CB	0.56	2.52	6	1
1:A:346:ILE:N	1:A:346:ILE:CD1	0.56	2.68	7	2
1:A:402:ALA:O	1:A:406:PHE:N	0.56	2.38	7	5
1:A:624:HIS:O	1:A:624:HIS:ND1	0.56	2.38	2	1
1:A:88:LEU:O	1:A:90:TYR:N	0.56	2.38	1	2
1:A:241:GLN:O	1:A:257:ASN:ND2	0.56	2.39	4	1
1:A:577:LEU:O	1:A:578:THR:OG1	0.56	2.22	5	1
1:A:584:ASN:N	1:A:584:ASN:ND2	0.56	2.54	5	2
1:A:313:LEU:HD12	1:A:313:LEU:H	0.56	1.61	6	1
1:A:344:MET:SD	1:A:707:TYR:CE1	0.56	2.99	8	1
1:A:444:ASN:N	1:A:444:ASN:ND2	0.56	2.52	10	1
1:A:542:THR:C	1:A:544:HIS:H	0.56	2.03	10	1
1:A:597:ASP:OD1	1:A:597:ASP:N	0.56	2.38	1	1
1:A:339:ASN:OD1	1:A:339:ASN:N	0.56	2.39	9	2
1:A:552:ASN:HD22	1:A:553:VAL:N	0.56	1.98	2	2
1:A:77:ASP:O	1:A:81:TYR:CD2	0.56	2.58	3	1
1:A:313:LEU:O	1:A:314:ASN:O	0.56	2.24	4	3
1:A:282:ASP:O	1:A:285:LEU:N	0.56	2.39	10	3
1:A:506:LYS:CG	1:A:507:GLY:N	0.56	2.69	6	1
1:A:125:ARG:HE	1:A:299:GLN:NE2	0.56	1.98	9	1
1:A:355:ASN:N	1:A:355:ASN:ND2	0.56	2.51	10	1
1:A:343:LEU:HD12	1:A:343:LEU:H	0.56	1.61	1	1
1:A:134:ARG:NH2	1:A:237:HIS:CE1	0.56	2.74	7	1
1:A:434:ASN:ND2	1:A:436:ARG:NH2	0.56	2.53	9	1
1:A:498:LEU:O	1:A:499:ARG:HB3	0.56	2.01	1	3
1:A:413:LEU:N	1:A:413:LEU:CD2	0.56	2.68	7	1
1:A:334:LEU:HD12	1:A:335:LEU:N	0.56	2.15	9	1
1:A:215:GLN:NE2	1:A:232:LYS:O	0.56	2.39	10	1
1:A:248:ILE:O	1:A:250:LYS:N	0.56	2.39	7	6
1:A:410:GLU:O	1:A:414:GLY:N	0.56	2.39	5	3
1:A:637:ILE:HD13	1:A:637:ILE:N	0.56	2.14	2	1
1:A:325:SER:O	1:A:326:GLU:CG	0.56	2.53	5	1
1:A:58:ASP:OD1	1:A:59:ARG:N	0.56	2.39	7	1
1:A:339:ASN:C	1:A:339:ASN:ND2	0.55	2.58	1	1
1:A:371:ALA:O	1:A:373:TYR:N	0.55	2.38	5	4
1:A:290:LEU:O	1:A:292:GLY:N	0.55	2.39	10	2
1:A:543:LEU:O	1:A:547:HIS:ND1	0.55	2.39	8	1
1:A:417:PRO:O	1:A:418:ASN:ND2	0.55	2.39	9	1
1:A:485:TYR:CZ	1:A:489:ASN:OD1	0.55	2.59	9	1
1:A:406:PHE:CZ	1:A:422:MET:SD	0.55	2.99	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:637:ILE:N	1:A:637:ILE:CD1	0.55	2.69	2	1
1:A:709:GLU:N	1:A:709:GLU:OE1	0.55	2.39	5	2
1:A:125:ARG:CD	1:A:125:ARG:H	0.55	2.14	6	1
1:A:137:SER:O	1:A:141:ALA:HB2	0.55	2.01	9	2
1:A:27:GLY:O	1:A:376:LYS:NZ	0.55	2.39	10	1
1:A:549:HIS:ND1	1:A:550:GLN:N	0.55	2.55	10	1
1:A:440:ALA:C	1:A:442:ALA:N	0.55	2.59	3	7
1:A:106:ASP:OD1	1:A:109:ILE:N	0.55	2.40	4	1
1:A:192:LYS:HZ2	1:A:199:ARG:HH21	0.55	1.44	4	1
1:A:446:VAL:HG22	1:A:447:ALA:O	0.55	2.01	10	3
1:A:267:THR:N	1:A:334:LEU:O	0.55	2.39	5	1
1:A:390:LYS:O	1:A:391:PRO:O	0.55	2.25	6	3
1:A:424:ILE:N	1:A:449:ILE:HG21	0.55	2.17	7	1
1:A:59:ARG:O	1:A:59:ARG:NE	0.55	2.39	8	1
1:A:134:ARG:O	1:A:135:TRP:CD1	0.55	2.60	9	1
1:A:492:SER:O	1:A:496:CYS:SG	0.55	2.64	9	1
1:A:112:GLN:NE2	1:A:113:ALA:N	0.55	2.54	10	1
1:A:411:THR:HG23	1:A:412:MET:N	0.55	2.16	10	1
1:A:511:MET:N	1:A:512:PRO:HD3	0.55	2.16	1	2
1:A:92:VAL:O	1:A:94:GLN:NE2	0.55	2.39	4	1
1:A:234:ASN:HD21	1:A:552:ASN:ND2	0.55	1.99	4	1
1:A:644:ASN:OD1	1:A:645:TRP:N	0.55	2.40	6	1
1:A:116:GLN:NE2	1:A:534:TRP:NE1	0.55	2.54	7	1
1:A:563:THR:HG22	1:A:564:GLU:H	0.55	1.60	8	2
1:A:285:LEU:N	1:A:285:LEU:HD12	0.55	2.17	10	1
1:A:108:GLU:OE2	1:A:387:TYR:CZ	0.55	2.59	2	1
1:A:340:VAL:HG12	1:A:341:GLY:N	0.55	2.16	8	2
1:A:67:TRP:NE1	1:A:81:TYR:CZ	0.55	2.75	5	1
1:A:552:ASN:N	1:A:552:ASN:HD22	0.55	1.99	5	2
1:A:124:ALA:HB1	1:A:614:GLY:O	0.55	2.02	8	1
1:A:213:PRO:O	1:A:216:PHE:CD1	0.55	2.60	8	1
1:A:373:TYR:O	1:A:377:VAL:HG13	0.55	2.01	8	1
1:A:132:ASN:O	1:A:133:ALA:HB3	0.55	2.01	9	1
1:A:495:PHE:O	1:A:495:PHE:CD2	0.55	2.60	10	1
1:A:452:GLY:O	1:A:454:LEU:N	0.55	2.40	1	1
1:A:53:LEU:N	1:A:53:LEU:HD12	0.55	2.16	2	1
1:A:699:LEU:O	1:A:701:VAL:N	0.55	2.39	3	2
1:A:508:MET:SD	1:A:525:GLN:NE2	0.55	2.79	5	1
1:A:436:ARG:HH21	1:A:437:SER:CB	0.55	2.15	9	1
1:A:357:ILE:O	1:A:359:GLU:N	0.55	2.40	2	1
1:A:424:ILE:O	1:A:448:PHE:CE1	0.55	2.60	3	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:430:ARG:C	1:A:432:SER:H	0.55	2.05	5	1
1:A:267:THR:HG23	1:A:333:SER:OG	0.55	2.02	6	1
1:A:216:PHE:O	1:A:216:PHE:CD2	0.55	2.60	8	1
1:A:368:GLY:O	1:A:371:ALA:HB3	0.55	2.02	8	1
1:A:519:TYR:CE2	1:A:547:HIS:NE2	0.55	2.75	8	1
1:A:454:LEU:HD23	1:A:454:LEU:H	0.55	1.60	4	1
1:A:582:ALA:O	1:A:584:ASN:ND2	0.55	2.39	7	1
1:A:489:ASN:ND2	1:A:490:VAL:H	0.55	1.99	8	1
1:A:112:GLN:CD	1:A:113:ALA:N	0.55	2.60	10	1
1:A:709:GLU:O	1:A:713:HIS:CD2	0.55	2.60	1	1
1:A:109:ILE:HD12	1:A:447:ALA:HB1	0.55	1.77	8	2
1:A:121:ALA:O	1:A:289:ASN:ND2	0.55	2.40	4	1
1:A:342:HIS:NE2	1:A:393:MET:SD	0.55	2.80	4	1
1:A:343:LEU:H	1:A:343:LEU:CD2	0.55	2.14	9	1
1:A:236:LEU:HD23	1:A:262:GLU:OE2	0.55	2.02	1	1
1:A:406:PHE:O	1:A:445:ARG:NH2	0.55	2.40	1	1
1:A:95:PRO:O	1:A:96:GLU:HB2	0.55	2.03	3	1
1:A:268:ILE:N	1:A:268:ILE:HD13	0.55	2.16	6	2
1:A:329:LEU:O	1:A:330:HIS:C	0.55	2.46	4	1
1:A:254:ALA:O	1:A:255:HIS:CB	0.55	2.54	9	3
1:A:108:GLU:CD	1:A:108:GLU:H	0.55	2.05	10	2
1:A:443:ARG:O	1:A:444:ASN:ND2	0.55	2.40	7	1
1:A:458:GLY:O	1:A:462:HIS:CD2	0.55	2.60	7	1
1:A:545:ALA:O	1:A:549:HIS:ND1	0.55	2.40	7	1
1:A:344:MET:SD	1:A:707:TYR:CD1	0.55	3.00	8	1
1:A:133:ALA:N	1:A:333:SER:OG	0.55	2.40	9	1
1:A:403:ASN:ND2	1:A:441:GLN:OE1	0.54	2.40	1	1
1:A:439:ILE:C	1:A:441:GLN:H	0.54	2.06	1	8
1:A:454:LEU:O	1:A:456:ARG:N	0.54	2.40	8	4
1:A:329:LEU:O	1:A:331:GLY:N	0.54	2.40	2	3
1:A:372:LEU:HD12	1:A:372:LEU:O	0.54	2.01	2	1
1:A:531:ASN:ND2	1:A:532:THR:OG1	0.54	2.40	2	2
1:A:65:ASP:OD1	1:A:66:GLU:N	0.54	2.40	3	1
1:A:180:LEU:O	1:A:182:ASN:N	0.54	2.40	10	2
1:A:583:GLU:O	1:A:584:ASN:ND2	0.54	2.40	3	1
1:A:248:ILE:HG23	1:A:249:GLY:N	0.54	2.17	8	2
1:A:539:THR:O	1:A:543:LEU:HD12	0.54	2.02	8	1
1:A:579:ILE:HD12	1:A:579:ILE:O	0.54	2.02	4	2
1:A:531:ASN:O	1:A:532:THR:HG23	0.54	2.02	2	1
1:A:355:ASN:O	1:A:357:ILE:N	0.54	2.40	9	2
1:A:632:ARG:O	1:A:635:LEU:N	0.54	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:247:ARG:HH11	1:A:247:ARG:N	0.54	2.00	7	1
1:A:133:ALA:O	1:A:134:ARG:CB	0.54	2.55	9	1
1:A:262:GLU:O	1:A:544:HIS:CE1	0.54	2.60	10	1
1:A:269:LEU:CD1	1:A:336:PHE:O	0.54	2.56	1	1
1:A:491:LEU:N	1:A:491:LEU:CD2	0.54	2.70	1	2
1:A:554:GLN:O	1:A:558:ALA:N	0.54	2.40	2	2
1:A:290:LEU:O	1:A:294:MET:SD	0.54	2.65	2	1
1:A:522:LYS:O	1:A:547:HIS:CE1	0.54	2.60	3	1
1:A:430:ARG:CG	1:A:431:THR:H	0.54	2.15	4	1
1:A:405:LEU:N	1:A:405:LEU:CD1	0.54	2.71	5	1
1:A:265:ILE:N	1:A:265:ILE:CD1	0.54	2.70	7	1
1:A:105:ILE:C	1:A:107:SER:H	0.54	2.06	9	1
1:A:439:ILE:O	1:A:446:VAL:HG21	0.54	2.03	9	1
1:A:575:ASP:O	1:A:578:THR:HG22	0.54	2.03	9	1
1:A:550:GLN:O	1:A:550:GLN:NE2	0.54	2.38	10	1
1:A:265:ILE:HD13	1:A:265:ILE:H	0.54	1.62	3	2
1:A:424:ILE:O	1:A:449:ILE:HG23	0.54	2.02	4	2
1:A:421:LYS:O	1:A:422:MET:SD	0.54	2.65	6	1
1:A:553:VAL:O	1:A:557:GLN:N	0.54	2.38	10	2
1:A:424:ILE:N	1:A:448:PHE:HB2	0.54	2.15	8	1
1:A:132:ASN:O	1:A:133:ALA:CB	0.54	2.51	10	2
1:A:113:ALA:HB1	1:A:531:ASN:OD1	0.54	2.02	10	1
1:A:61:GLN:O	1:A:65:ASP:N	0.54	2.40	1	2
1:A:548:TYR:CD1	1:A:548:TYR:C	0.54	2.80	4	4
1:A:705:ASN:C	1:A:707:TYR:H	0.54	2.06	2	2
1:A:31:ASP:OD1	1:A:31:ASP:N	0.54	2.40	3	1
1:A:65:ASP:CG	1:A:66:GLU:N	0.54	2.61	3	1
1:A:530:ALA:O	1:A:557:GLN:NE2	0.54	2.41	4	1
1:A:335:LEU:O	1:A:387:TYR:CE1	0.54	2.60	8	2
1:A:341:GLY:O	1:A:342:HIS:CD2	0.54	2.61	6	2
1:A:403:ASN:CA	1:A:445:ARG:HH12	0.54	2.16	7	1
1:A:393:MET:O	1:A:394:HIS:CG	0.54	2.61	9	3
1:A:710:PRO:O	1:A:714:ALA:N	0.54	2.41	3	3
1:A:128:LEU:HD23	1:A:132:ASN:OD1	0.54	2.02	3	1
1:A:257:ASN:ND2	1:A:258:ASP:N	0.54	2.55	4	1
1:A:427:GLU:O	1:A:429:ARG:N	0.54	2.41	4	1
1:A:444:ASN:ND2	1:A:445:ARG:H	0.54	2.00	6	2
1:A:77:ASP:O	1:A:79:ALA:N	0.54	2.41	10	1
1:A:517:ASP:OD1	1:A:518:MET:N	0.54	2.41	10	1
1:A:80:ALA:O	1:A:84:PHE:CE2	0.54	2.61	1	1
1:A:351:ASP:OD1	1:A:355:ASN:N	0.54	2.41	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:389:VAL:O	1:A:389:VAL:CG2	0.54	2.55	1	1
1:A:138:LEU:N	1:A:259:VAL:O	0.54	2.35	2	2
1:A:359:GLU:N	1:A:359:GLU:OE1	0.54	2.41	3	1
1:A:513:ASP:O	1:A:515:MET:SD	0.54	2.66	7	2
1:A:134:ARG:NH1	1:A:262:GLU:OE2	0.54	2.40	6	1
1:A:393:MET:O	1:A:394:HIS:CD2	0.54	2.61	6	1
1:A:464:VAL:O	1:A:466:GLU:N	0.54	2.41	6	2
1:A:648:HIS:CG	1:A:648:HIS:O	0.54	2.59	10	3
1:A:151:GLU:CD	1:A:619:LYS:HZ1	0.54	2.06	8	1
1:A:509:TRP:CZ3	1:A:534:TRP:O	0.54	2.60	8	1
1:A:270:ASP:O	1:A:338:ARG:NH2	0.54	2.41	9	1
1:A:4:THR:OG1	1:A:11:ARG:NE	0.54	2.41	3	1
1:A:277:ALA:O	1:A:278:VAL:HG13	0.54	2.03	9	4
1:A:637:ILE:O	1:A:638:SER:CB	0.54	2.56	9	2
1:A:212:THR:O	1:A:215:GLN:NE2	0.54	2.40	6	1
1:A:341:GLY:C	1:A:342:HIS:CG	0.54	2.81	8	2
1:A:140:ASP:N	1:A:140:ASP:OD1	0.54	2.41	9	1
1:A:143:TYR:O	1:A:162:ARG:NH1	0.54	2.40	10	1
1:A:605:GLY:O	1:A:609:ARG:NE	0.54	2.40	10	1
1:A:68:HIS:CE1	1:A:81:TYR:OH	0.54	2.61	1	1
1:A:403:ASN:HD21	1:A:443:ARG:CD	0.54	2.15	2	1
1:A:431:THR:O	1:A:433:LEU:N	0.54	2.41	8	2
1:A:615:ILE:CG2	1:A:616:GLY:N	0.54	2.71	3	1
1:A:344:MET:O	1:A:345:THR:CB	0.54	2.56	9	3
1:A:720:LYS:O	1:A:722:SER:N	0.54	2.41	4	1
1:A:704:PRO:O	1:A:706:GLY:N	0.54	2.40	5	1
1:A:136:GLY:O	1:A:138:LEU:N	0.54	2.41	6	1
1:A:361:ILE:HG23	1:A:362:LEU:N	0.54	2.18	8	2
1:A:173:PHE:O	1:A:549:HIS:CD2	0.54	2.61	8	1
1:A:565:PHE:O	1:A:569:PHE:N	0.54	2.33	8	1
1:A:606:TYR:CE2	1:A:610:TRP:CG	0.54	2.96	8	1
1:A:105:ILE:CD1	1:A:106:ASP:H	0.54	2.16	9	1
1:A:233:ASN:O	1:A:235:GLY:N	0.54	2.41	9	1
1:A:419:THR:O	1:A:420:LEU:O	0.53	2.26	2	2
1:A:436:ARG:HH21	1:A:492:SER:CB	0.53	2.16	2	1
1:A:47:ALA:N	1:A:48:PRO:HD2	0.53	2.18	7	6
1:A:584:ASN:ND2	1:A:587:TRP:CZ3	0.53	2.76	4	1
1:A:273:ASP:OD1	1:A:707:TYR:CD1	0.53	2.62	5	1
1:A:408:ARG:O	1:A:408:ARG:NE	0.53	2.42	5	1
1:A:116:GLN:HE22	1:A:450:ASN:HD21	0.53	1.45	7	1
1:A:597:ASP:O	1:A:601:GLN:N	0.53	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:121:ALA:C	1:A:123:ASN:H	0.53	2.05	8	1
1:A:35:PHE:CE2	1:A:39:PHE:CE2	0.53	2.96	9	1
1:A:362:LEU:H	1:A:362:LEU:CD2	0.53	2.16	10	1
1:A:39:PHE:O	1:A:43:VAL:HG23	0.53	2.02	1	6
1:A:44:HIS:NE2	1:A:351:ASP:OD2	0.53	2.41	1	1
1:A:136:GLY:O	1:A:260:ILE:HG23	0.53	2.03	1	1
1:A:150:GLN:O	1:A:150:GLN:NE2	0.53	2.40	1	1
1:A:313:LEU:N	1:A:313:LEU:HD12	0.53	2.18	1	1
1:A:318:HIS:O	1:A:319:TYR:CD1	0.53	2.62	1	1
1:A:427:GLU:N	1:A:427:GLU:OE1	0.53	2.41	1	2
1:A:123:ASN:O	1:A:125:ARG:N	0.53	2.41	2	1
1:A:126:TYR:OH	1:A:632:ARG:N	0.53	2.41	2	1
1:A:143:TYR:O	1:A:150:GLN:NE2	0.53	2.41	2	1
1:A:273:ASP:OD1	1:A:636:ARG:NE	0.53	2.41	2	1
1:A:486:GLU:O	1:A:489:ASN:ND2	0.53	2.41	8	2
1:A:701:VAL:HG23	1:A:702:LYS:N	0.53	2.18	2	4
1:A:94:GLN:O	1:A:96:GLU:N	0.53	2.41	3	1
1:A:586:ASN:ND2	1:A:649:GLY:O	0.53	2.41	4	1
1:A:18:ARG:NH2	1:A:19:PHE:CE1	0.53	2.76	5	1
1:A:51:ARG:HH11	1:A:355:ASN:ND2	0.53	2.01	5	1
1:A:90:TYR:OH	1:A:394:HIS:NE2	0.53	2.40	5	1
1:A:343:LEU:N	1:A:343:LEU:CD2	0.53	2.71	6	2
1:A:430:ARG:O	1:A:432:SER:N	0.53	2.41	5	1
1:A:553:VAL:O	1:A:557:GLN:NE2	0.53	2.41	5	2
1:A:35:PHE:CZ	1:A:39:PHE:CZ	0.53	2.96	8	1
1:A:128:LEU:CD2	1:A:132:ASN:HD21	0.53	2.17	8	1
1:A:120:PRO:C	1:A:122:MET:N	0.53	2.62	10	6
1:A:139:TYR:CE2	1:A:140:ASP:OD1	0.53	2.61	1	1
1:A:296:GLY:O	1:A:313:LEU:HD21	0.53	2.04	1	1
1:A:355:ASN:OD1	1:A:356:GLU:N	0.53	2.41	1	1
1:A:145:SER:N	1:A:150:GLN:NE2	0.53	2.57	2	1
1:A:222:ASP:OD1	1:A:225:ALA:N	0.53	2.41	2	1
1:A:253:PRO:O	1:A:255:HIS:CE1	0.53	2.61	2	1
1:A:337:ILE:HD12	1:A:337:ILE:N	0.53	2.18	3	1
1:A:434:ASN:O	1:A:438:CYS:SG	0.53	2.66	3	1
1:A:117:LEU:HD13	1:A:118:VAL:H	0.53	1.63	5	2
1:A:297:THR:HG22	1:A:332:ARG:NH2	0.53	2.19	5	1
1:A:491:LEU:O	1:A:493:GLY:N	0.53	2.41	10	1
1:A:586:ASN:N	1:A:586:ASN:ND2	0.53	2.52	10	1
1:A:450:ASN:OD1	1:A:503:GLN:NE2	0.53	2.41	1	1
1:A:12:ILE:HD12	1:A:12:ILE:O	0.53	2.03	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:406:PHE:CD2	1:A:410:GLU:OE1	0.53	2.62	3	1
1:A:18:ARG:NH2	1:A:22:GLU:OE1	0.53	2.42	4	1
1:A:293:LEU:HD13	1:A:335:LEU:HD22	0.53	1.80	4	1
1:A:424:ILE:HD13	1:A:446:VAL:HG23	0.53	1.79	4	1
1:A:297:THR:HG22	1:A:332:ARG:HH22	0.53	1.63	5	1
1:A:385:SER:OG	1:A:420:LEU:N	0.53	2.42	9	2
1:A:164:GLU:N	1:A:164:GLU:OE1	0.53	2.41	6	1
1:A:68:HIS:CD2	1:A:464:VAL:HG12	0.53	2.38	10	1
1:A:134:ARG:CD	1:A:134:ARG:N	0.53	2.71	10	1
1:A:237:HIS:ND1	1:A:262:GLU:OE2	0.53	2.41	10	1
1:A:78:LYS:O	1:A:82:LYS:N	0.53	2.42	6	2
1:A:104:GLY:O	1:A:105:ILE:O	0.53	2.27	3	3
1:A:148:ILE:HD11	1:A:166:VAL:HG22	0.53	1.81	2	1
1:A:213:PRO:O	1:A:216:PHE:CD2	0.53	2.62	2	1
1:A:234:ASN:OD1	1:A:552:ASN:ND2	0.53	2.41	2	1
1:A:330:HIS:O	1:A:330:HIS:ND1	0.53	2.42	2	1
1:A:359:GLU:O	1:A:361:ILE:N	0.53	2.36	6	2
1:A:450:ASN:ND2	1:A:534:TRP:HE1	0.53	2.01	2	1
1:A:262:GLU:N	1:A:262:GLU:CD	0.53	2.62	7	2
1:A:279:ASP:OD1	1:A:280:ALA:N	0.53	2.41	5	2
1:A:68:HIS:NE2	1:A:81:TYR:OH	0.53	2.42	6	1
1:A:147:ILE:HA	1:A:516:ALA:HB2	0.53	1.80	7	1
1:A:622:ASP:OD1	1:A:626:VAL:N	0.53	2.41	8	1
1:A:564:GLU:CD	1:A:564:GLU:H	0.53	2.07	9	1
1:A:602:GLY:O	1:A:606:TYR:CG	0.53	2.62	10	1
1:A:653:LYS:O	1:A:657:GLN:NE2	0.53	2.41	10	1
1:A:112:GLN:O	1:A:113:ALA:HB2	0.53	2.04	3	2
1:A:213:PRO:O	1:A:215:GLN:N	0.53	2.42	4	4
1:A:350:TRP:CZ3	1:A:356:GLU:OE2	0.53	2.62	3	1
1:A:443:ARG:O	1:A:444:ASN:CG	0.53	2.47	7	3
1:A:591:GLU:OE1	1:A:591:GLU:N	0.53	2.42	4	1
1:A:123:ASN:OD1	1:A:610:TRP:CH2	0.53	2.61	5	1
1:A:121:ALA:CB	1:A:270:ASP:O	0.53	2.57	6	1
1:A:450:ASN:ND2	1:A:532:THR:OG1	0.53	2.41	6	1
1:A:638:SER:OG	1:A:639:SER:N	0.53	2.41	8	1
1:A:105:ILE:O	1:A:107:SER:N	0.53	2.41	9	1
1:A:118:VAL:O	1:A:632:ARG:NH2	0.53	2.42	9	1
1:A:158:TYR:CD1	1:A:158:TYR:N	0.53	2.76	1	1
1:A:324:GLY:O	1:A:327:ILE:HG23	0.53	2.04	8	2
1:A:410:GLU:OE2	1:A:445:ARG:NH2	0.53	2.41	2	1
1:A:687:SER:OG	1:A:690:PHE:CE2	0.53	2.62	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:41:GLU:OE1	1:A:41:GLU:N	0.53	2.41	9	1
1:A:717:LEU:O	1:A:721:GLU:N	0.53	2.41	10	1
1:A:427:GLU:CD	1:A:427:GLU:H	0.53	2.07	1	3
1:A:321:ALA:O	1:A:323:ASP:N	0.53	2.42	3	1
1:A:575:ASP:O	1:A:577:LEU:N	0.53	2.41	3	2
1:A:242:ILE:HG23	1:A:255:HIS:O	0.53	2.04	4	1
1:A:584:ASN:CB	1:A:587:TRP:CE3	0.53	2.92	4	1
1:A:344:MET:SD	1:A:707:TYR:CZ	0.53	3.02	8	1
1:A:316:ASP:OD1	1:A:332:ARG:NH1	0.53	2.42	10	1
1:A:544:HIS:O	1:A:547:HIS:N	0.53	2.36	10	1
1:A:650:ILE:N	1:A:650:ILE:CD1	0.53	2.71	7	2
1:A:410:GLU:O	1:A:415:MET:N	0.53	2.37	3	1
1:A:715:TRP:O	1:A:719:GLU:N	0.53	2.41	3	1
1:A:361:ILE:O	1:A:364:GLY:N	0.53	2.42	4	1
1:A:637:ILE:CG1	1:A:638:SER:H	0.53	2.17	5	1
1:A:251:ASP:OD1	1:A:252:ASP:N	0.53	2.42	7	1
1:A:455:ASP:OD2	1:A:636:ARG:NH2	0.53	2.41	7	1
1:A:498:LEU:HD22	1:A:499:ARG:N	0.53	2.19	8	1
1:A:393:MET:SD	1:A:394:HIS:N	0.53	2.82	9	1
1:A:584:ASN:ND2	1:A:586:ASN:OD1	0.53	2.42	9	1
1:A:626:VAL:HG12	1:A:627:ALA:H	0.53	1.63	10	1
1:A:405:LEU:O	1:A:408:ARG:N	0.53	2.42	4	3
1:A:139:TYR:CG	1:A:140:ASP:N	0.53	2.77	2	2
1:A:262:GLU:N	1:A:262:GLU:OE1	0.53	2.39	7	2
1:A:317:ARG:O	1:A:319:TYR:CE1	0.53	2.62	2	1
1:A:234:ASN:N	1:A:234:ASN:OD1	0.53	2.41	3	1
1:A:575:ASP:N	1:A:575:ASP:OD1	0.53	2.40	3	1
1:A:695:ASP:OD2	1:A:715:TRP:CZ2	0.53	2.62	3	1
1:A:514:LEU:N	1:A:514:LEU:HD22	0.53	2.19	7	2
1:A:116:GLN:OE1	1:A:534:TRP:CZ2	0.53	2.62	7	1
1:A:346:ILE:N	1:A:346:ILE:HD12	0.53	2.18	8	1
1:A:649:GLY:O	1:A:651:LEU:N	0.53	2.41	8	1
1:A:363:ASP:OD1	1:A:363:ASP:N	0.53	2.42	9	1
1:A:119:VAL:HG22	1:A:269:LEU:HD23	0.52	1.81	1	2
1:A:278:VAL:O	1:A:278:VAL:CG1	0.52	2.56	8	2
1:A:537:SER:OG	1:A:629:MET:SD	0.52	2.68	9	2
1:A:121:ALA:CB	1:A:270:ASP:OD1	0.52	2.57	2	2
1:A:175:ASP:O	1:A:179:PRO:N	0.52	2.42	3	1
1:A:416:ALA:O	1:A:418:ASN:N	0.52	2.42	3	2
1:A:25:LEU:N	1:A:26:PRO:CD	0.52	2.72	9	6
1:A:117:LEU:HD23	1:A:118:VAL:N	0.52	2.18	4	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:343:LEU:C	1:A:345:THR:H	0.52	2.07	6	1
1:A:137:SER:O	1:A:141:ALA:N	0.52	2.42	9	2
1:A:237:HIS:CD2	1:A:237:HIS:N	0.52	2.77	7	1
1:A:46:LEU:HD23	1:A:46:LEU:O	0.52	2.04	8	1
1:A:632:ARG:CD	1:A:632:ARG:N	0.52	2.72	9	1
1:A:661:GLU:OE2	1:A:662:ASN:ND2	0.52	2.42	10	1
1:A:200:ILE:CD1	1:A:210:LEU:HD21	0.52	2.35	1	1
1:A:298:LEU:N	1:A:298:LEU:CD1	0.52	2.73	1	3
1:A:600:VAL:HG11	1:A:660:LEU:CD2	0.52	2.34	1	1
1:A:7:GLN:OE1	1:A:8:SER:N	0.52	2.42	2	1
1:A:415:MET:O	1:A:416:ALA:CB	0.52	2.58	2	2
1:A:696:LEU:N	1:A:696:LEU:CD2	0.52	2.73	3	1
1:A:51:ARG:HH11	1:A:355:ASN:HD21	0.52	1.47	5	1
1:A:128:LEU:HD23	1:A:128:LEU:O	0.52	2.04	5	2
1:A:422:MET:N	1:A:447:ALA:HB2	0.52	2.20	5	1
1:A:35:PHE:O	1:A:37:ARG:N	0.52	2.42	7	1
1:A:123:ASN:OD1	1:A:124:ALA:N	0.52	2.42	10	2
1:A:393:MET:O	1:A:429:ARG:NH2	0.52	2.40	10	1
1:A:531:ASN:O	1:A:550:GLN:NE2	0.52	2.42	10	1
1:A:549:HIS:O	1:A:551:THR:N	0.52	2.42	10	1
1:A:291:LEU:HD23	1:A:291:LEU:O	0.52	2.03	1	1
1:A:108:GLU:OE2	1:A:387:TYR:CE1	0.52	2.62	2	1
1:A:643:ALA:O	1:A:646:LEU:N	0.52	2.41	3	1
1:A:38:ASN:ND2	1:A:39:PHE:N	0.52	2.57	4	1
1:A:243:ASP:OD1	1:A:244:ALA:N	0.52	2.42	10	2
1:A:488:ASN:ND2	1:A:576:LEU:HD21	0.52	2.19	5	1
1:A:37:ARG:NH2	1:A:41:GLU:OE1	0.52	2.41	6	1
1:A:373:TYR:CD2	1:A:377:VAL:HG11	0.52	2.40	8	1
1:A:494:LEU:O	1:A:497:GLY:N	0.52	2.40	8	1
1:A:522:LYS:NZ	1:A:522:LYS:CB	0.52	2.72	8	1
1:A:436:ARG:H	1:A:436:ARG:CD	0.52	2.16	9	1
1:A:263:ALA:HB1	1:A:541:ALA:CB	0.52	2.35	10	1
1:A:285:LEU:N	1:A:285:LEU:CD1	0.52	2.73	10	1
1:A:44:HIS:CE1	1:A:351:ASP:OD2	0.52	2.63	1	1
1:A:451:THR:OG1	1:A:534:TRP:NE1	0.52	2.42	2	1
1:A:456:ARG:O	1:A:460:GLU:N	0.52	2.41	6	2
1:A:177:SER:O	1:A:549:HIS:CE1	0.52	2.61	5	1
1:A:273:ASP:OD1	1:A:707:TYR:CE1	0.52	2.62	5	1
1:A:182:ASN:N	1:A:182:ASN:OD1	0.52	2.41	7	1
1:A:436:ARG:NH2	1:A:437:SER:OG	0.52	2.42	9	1
1:A:278:VAL:HG23	1:A:717:LEU:CD2	0.52	2.35	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:ARG:NE	1:A:57:ARG:H	0.52	2.01	1	1
1:A:534:TRP:CD1	1:A:534:TRP:N	0.52	2.77	2	1
1:A:691:LYS:NZ	1:A:691:LYS:CB	0.52	2.73	2	1
1:A:106:ASP:OD1	1:A:107:SER:N	0.52	2.42	10	2
1:A:271:CYS:O	1:A:273:ASP:N	0.52	2.43	9	3
1:A:704:PRO:C	1:A:706:GLY:H	0.52	2.07	5	1
1:A:70:SER:O	1:A:71:ASN:ND2	0.52	2.42	6	1
1:A:583:GLU:OE2	1:A:644:ASN:ND2	0.52	2.43	6	1
1:A:635:LEU:O	1:A:637:ILE:N	0.52	2.43	7	1
1:A:239:GLU:N	1:A:239:GLU:OE1	0.52	2.43	9	1
1:A:433:LEU:N	1:A:433:LEU:CD1	0.52	2.72	9	1
1:A:701:VAL:CG2	1:A:702:LYS:NZ	0.52	2.73	9	1
1:A:148:ILE:O	1:A:150:GLN:OE1	0.52	2.27	1	1
1:A:254:ALA:C	1:A:256:ILE:H	0.52	2.07	2	5
1:A:410:GLU:CD	1:A:445:ARG:NH2	0.52	2.63	2	1
1:A:505:GLY:O	1:A:532:THR:N	0.52	2.42	2	1
1:A:276:ALA:O	1:A:713:HIS:NE2	0.52	2.43	4	1
1:A:606:TYR:CE2	1:A:631:ASP:O	0.52	2.63	4	1
1:A:706:GLY:O	1:A:708:THR:N	0.52	2.41	4	1
1:A:61:GLN:OE1	1:A:462:HIS:CD2	0.52	2.62	5	1
1:A:449:ILE:O	1:A:503:GLN:O	0.52	2.28	5	1
1:A:640:GLN:O	1:A:644:ASN:ND2	0.52	2.43	5	2
1:A:450:ASN:O	1:A:452:GLY:N	0.52	2.42	7	1
1:A:570:GLU:N	1:A:570:GLU:OE1	0.52	2.42	8	1
1:A:594:GLN:OE1	1:A:594:GLN:N	0.52	2.42	9	1
1:A:227:THR:O	1:A:228:CYS:SG	0.52	2.67	10	1
1:A:541:ALA:O	1:A:543:LEU:N	0.52	2.43	10	1
1:A:188:VAL:CG1	1:A:189:VAL:N	0.52	2.72	7	7
1:A:279:ASP:OD1	1:A:279:ASP:N	0.52	2.42	1	1
1:A:547:HIS:ND1	1:A:547:HIS:N	0.52	2.57	1	2
1:A:641:HIS:NE2	1:A:645:TRP:CE2	0.52	2.77	1	1
1:A:451:THR:OG1	1:A:534:TRP:CE2	0.52	2.54	2	1
1:A:150:GLN:NE2	1:A:162:ARG:CZ	0.52	2.72	3	1
1:A:204:ASN:O	1:A:204:ASN:ND2	0.52	2.39	3	1
1:A:142:LEU:HD12	1:A:143:TYR:H	0.52	1.64	5	1
1:A:632:ARG:NH2	1:A:709:GLU:OE2	0.52	2.43	6	1
1:A:488:ASN:ND2	1:A:492:SER:OG	0.52	2.42	7	1
1:A:601:GLN:NE2	1:A:622:ASP:OD2	0.52	2.42	7	1
1:A:496:CYS:C	1:A:498:LEU:HD13	0.52	2.25	8	1
1:A:583:GLU:CD	1:A:583:GLU:H	0.52	2.08	9	1
1:A:95:PRO:O	1:A:96:GLU:CB	0.52	2.56	3	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:426:ASP:O	1:A:427:GLU:O	0.52	2.28	1	1
1:A:511:MET:O	1:A:511:MET:SD	0.52	2.67	1	1
1:A:581:VAL:O	1:A:581:VAL:CG1	0.52	2.57	1	2
1:A:44:HIS:CD2	1:A:44:HIS:O	0.52	2.62	2	2
1:A:253:PRO:O	1:A:255:HIS:CD2	0.52	2.61	2	1
1:A:254:ALA:O	1:A:256:ILE:N	0.52	2.42	7	3
1:A:642:ILE:HG23	1:A:643:ALA:N	0.52	2.20	2	1
1:A:161:GLN:CD	1:A:161:GLN:H	0.52	2.08	4	1
1:A:650:ILE:O	1:A:650:ILE:CG2	0.52	2.58	7	2
1:A:557:GLN:NE2	1:A:557:GLN:H	0.52	2.01	6	1
1:A:115:PRO:CG	1:A:545:ALA:HB2	0.52	2.35	8	1
1:A:355:ASN:ND2	1:A:355:ASN:O	0.52	2.43	10	1
1:A:273:ASP:OD1	1:A:273:ASP:N	0.52	2.42	4	2
1:A:450:ASN:HD22	1:A:534:TRP:HE1	0.52	1.46	2	1
1:A:233:ASN:HD22	1:A:233:ASN:H	0.52	1.48	3	1
1:A:486:GLU:O	1:A:489:ASN:OD1	0.52	2.28	3	1
1:A:564:GLU:CD	1:A:565:PHE:N	0.52	2.63	4	1
1:A:96:GLU:CD	1:A:96:GLU:H	0.52	2.09	5	1
1:A:609:ARG:NE	1:A:613:GLN:HE21	0.52	2.02	5	1
1:A:485:TYR:CE2	1:A:489:ASN:OD1	0.52	2.63	9	1
1:A:85:LEU:O	1:A:89:GLY:CA	0.52	2.58	9	4
1:A:296:GLY:O	1:A:313:LEU:CD2	0.52	2.58	1	1
1:A:518:MET:O	1:A:521:GLN:N	0.52	2.42	8	3
1:A:88:LEU:HD23	1:A:88:LEU:O	0.52	2.04	5	4
1:A:93:PRO:C	1:A:94:GLN:NE2	0.52	2.63	4	1
1:A:222:ASP:OD1	1:A:222:ASP:N	0.52	2.42	6	1
1:A:465:MET:SD	1:A:465:MET:O	0.52	2.68	6	1
1:A:711:LEU:HD12	1:A:711:LEU:C	0.52	2.25	7	1
1:A:485:TYR:CE2	1:A:489:ASN:ND2	0.52	2.78	9	1
1:A:436:ARG:CZ	1:A:499:ARG:HH12	0.52	2.17	10	1
1:A:628:LEU:N	1:A:628:LEU:CD2	0.52	2.73	10	1
1:A:11:ARG:C	1:A:12:ILE:HD13	0.51	2.26	1	1
1:A:125:ARG:HE	1:A:125:ARG:N	0.51	2.03	1	1
1:A:207:GLU:CD	1:A:207:GLU:H	0.51	2.08	1	2
1:A:139:TYR:CD1	1:A:139:TYR:C	0.51	2.83	2	2
1:A:259:VAL:C	1:A:260:ILE:HD12	0.51	2.25	9	4
1:A:181:GLU:N	1:A:210:LEU:O	0.51	2.41	3	2
1:A:417:PRO:O	1:A:418:ASN:O	0.51	2.28	9	2
1:A:697:ILE:HD12	1:A:697:ILE:N	0.51	2.20	3	1
1:A:258:ASP:OD1	1:A:259:VAL:N	0.51	2.41	4	1
1:A:512:PRO:O	1:A:514:LEU:N	0.51	2.43	9	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:294:MET:SD	1:A:370:ILE:O	0.51	2.68	6	1
1:A:104:GLY:O	1:A:106:ASP:N	0.51	2.42	7	1
1:A:485:TYR:CD1	1:A:485:TYR:C	0.51	2.83	7	1
1:A:257:ASN:C	1:A:257:ASN:ND2	0.51	2.64	9	1
1:A:445:ARG:O	1:A:446:VAL:O	0.51	2.28	2	2
1:A:191:PHE:CD1	1:A:229:ILE:CD1	0.51	2.93	2	1
1:A:565:PHE:O	1:A:567:ALA:N	0.51	2.43	6	4
1:A:701:VAL:CG2	1:A:702:LYS:N	0.51	2.74	2	2
1:A:132:ASN:O	1:A:132:ASN:ND2	0.51	2.42	6	2
1:A:182:ASN:HD22	1:A:183:GLY:N	0.51	2.02	4	1
1:A:267:THR:O	1:A:336:PHE:N	0.51	2.39	5	1
1:A:56:GLU:OE1	1:A:56:GLU:N	0.51	2.43	6	1
1:A:244:ALA:O	1:A:246:GLY:N	0.51	2.43	8	2
1:A:534:TRP:CD1	1:A:535:VAL:N	0.51	2.77	6	1
1:A:434:ASN:CG	1:A:436:ARG:NH2	0.51	2.64	9	1
1:A:218:GLY:C	1:A:219:TYR:CG	0.51	2.83	10	1
1:A:108:GLU:OE1	1:A:108:GLU:N	0.51	2.43	1	1
1:A:276:ALA:HB1	1:A:713:HIS:CD2	0.51	2.40	1	1
1:A:339:ASN:CB	1:A:389:VAL:O	0.51	2.58	1	1
1:A:456:ARG:NH1	1:A:485:TYR:CE1	0.51	2.77	1	1
1:A:600:VAL:O	1:A:603:ILE:N	0.51	2.43	10	2
1:A:281:GLU:N	1:A:281:GLU:OE1	0.51	2.43	2	1
1:A:337:ILE:N	1:A:337:ILE:CD1	0.51	2.73	3	1
1:A:626:VAL:CG1	1:A:627:ALA:N	0.51	2.73	3	2
1:A:609:ARG:CZ	1:A:613:GLN:OE1	0.51	2.59	4	1
1:A:290:LEU:N	1:A:290:LEU:HD22	0.51	2.20	6	2
1:A:418:ASN:N	1:A:418:ASN:HD22	0.51	2.04	7	1
1:A:108:GLU:O	1:A:112:GLN:N	0.51	2.40	9	1
1:A:225:ALA:N	1:A:226:PRO:CD	0.51	2.73	9	2
1:A:68:HIS:CD2	1:A:464:VAL:CG1	0.51	2.94	10	1
1:A:119:VAL:HG21	1:A:269:LEU:CD2	0.51	2.35	2	1
1:A:351:ASP:OD1	1:A:352:SER:N	0.51	2.44	3	2
1:A:24:VAL:O	1:A:28:THR:OG1	0.51	2.24	4	2
1:A:525:GLN:NE2	1:A:530:ALA:CB	0.51	2.74	4	1
1:A:538:PRO:O	1:A:541:ALA:N	0.51	2.42	4	2
1:A:294:MET:O	1:A:294:MET:SD	0.51	2.68	5	1
1:A:488:ASN:O	1:A:492:SER:N	0.51	2.44	10	2
1:A:669:GLN:O	1:A:669:GLN:NE2	0.51	2.43	7	2
1:A:690:PHE:O	1:A:694:SER:N	0.51	2.42	5	1
1:A:489:ASN:O	1:A:493:GLY:N	0.51	2.42	6	1
1:A:89:GLY:O	1:A:90:TYR:CG	0.51	2.63	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:57:ARG:NH2	1:A:427:GLU:O	0.51	2.43	8	1
1:A:121:ALA:C	1:A:123:ASN:N	0.51	2.63	8	1
1:A:654:GLU:N	1:A:654:GLU:OE1	0.51	2.44	8	1
1:A:434:ASN:ND2	1:A:436:ARG:HH12	0.51	2.03	9	1
1:A:671:ASN:ND2	1:A:671:ASN:O	0.51	2.43	9	1
1:A:701:VAL:HG23	1:A:702:LYS:HG3	0.51	1.82	9	1
1:A:112:GLN:CG	1:A:113:ALA:N	0.51	2.74	10	1
1:A:321:ALA:N	1:A:325:SER:O	0.51	2.41	10	1
1:A:427:GLU:OE1	1:A:427:GLU:N	0.51	2.43	10	1
1:A:557:GLN:O	1:A:557:GLN:NE2	0.51	2.43	1	1
1:A:126:TYR:O	1:A:130:ALA:HB3	0.51	2.05	2	1
1:A:215:GLN:O	1:A:232:LYS:N	0.51	2.38	3	1
1:A:439:ILE:HD12	1:A:498:LEU:HD21	0.51	1.83	3	1
1:A:237:HIS:ND1	1:A:262:GLU:OE1	0.51	2.44	4	1
1:A:406:PHE:CE2	1:A:410:GLU:OE1	0.51	2.64	5	1
1:A:511:MET:N	1:A:512:PRO:HD2	0.51	2.21	5	1
1:A:522:LYS:HZ1	1:A:544:HIS:CG	0.51	2.24	5	1
1:A:416:ALA:O	1:A:417:PRO:O	0.51	2.28	8	1
1:A:604:LEU:HD13	1:A:667:VAL:CG2	0.51	2.36	8	1
1:A:291:LEU:O	1:A:294:MET:N	0.51	2.42	10	1
1:A:239:GLU:OE2	1:A:239:GLU:N	0.51	2.43	1	1
1:A:15:ASN:ND2	1:A:284:ILE:HD13	0.51	2.21	3	1
1:A:290:LEU:HD12	1:A:290:LEU:N	0.51	2.21	4	1
1:A:329:LEU:O	1:A:330:HIS:CD2	0.51	2.64	4	1
1:A:123:ASN:OD1	1:A:610:TRP:CZ2	0.51	2.64	5	1
1:A:481:TRP:CD1	1:A:481:TRP:N	0.51	2.76	5	1
1:A:290:LEU:N	1:A:290:LEU:CD2	0.51	2.73	6	2
1:A:338:ARG:HH22	1:A:454:LEU:HD13	0.51	1.65	6	1
1:A:410:GLU:CG	1:A:420:LEU:HD13	0.51	2.35	6	1
1:A:715:TRP:CZ3	1:A:719:GLU:OE2	0.51	2.63	6	1
1:A:340:VAL:CG1	1:A:341:GLY:N	0.51	2.73	8	1
1:A:263:ALA:HB1	1:A:541:ALA:HB3	0.51	1.83	10	1
1:A:271:CYS:SG	1:A:636:ARG:CD	0.51	2.99	1	1
1:A:104:GLY:O	1:A:105:ILE:CG2	0.51	2.58	2	2
1:A:134:ARG:O	1:A:135:TRP:O	0.51	2.28	9	2
1:A:399:VAL:CG1	1:A:403:ASN:ND2	0.51	2.74	3	1
1:A:410:GLU:CG	1:A:411:THR:N	0.51	2.74	3	2
1:A:581:VAL:O	1:A:581:VAL:HG23	0.51	2.03	3	1
1:A:192:LYS:NZ	1:A:199:ARG:HE	0.51	2.04	4	1
1:A:509:TRP:CD1	1:A:509:TRP:N	0.51	2.72	4	2
1:A:603:ILE:CG2	1:A:604:LEU:N	0.51	2.73	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:312:LYS:CB	1:A:312:LYS:NZ	0.51	2.74	1	2
1:A:403:ASN:HD22	1:A:441:GLN:HE22	0.51	1.49	1	1
1:A:414:GLY:O	1:A:415:MET:C	0.51	2.49	7	2
1:A:415:MET:O	1:A:415:MET:SD	0.51	2.68	2	1
1:A:436:ARG:NE	1:A:492:SER:OG	0.51	2.43	2	1
1:A:356:GLU:O	1:A:357:ILE:C	0.51	2.48	6	2
1:A:498:LEU:HD13	1:A:502:ALA:HB2	0.51	1.83	5	1
1:A:593:GLN:NE2	1:A:655:GLN:OE1	0.51	2.43	5	1
1:A:273:ASP:O	1:A:632:ARG:NH1	0.51	2.43	6	1
1:A:343:LEU:O	1:A:345:THR:N	0.51	2.43	6	1
1:A:504:ILE:O	1:A:504:ILE:HG22	0.51	2.05	8	3
1:A:429:ARG:NH2	1:A:460:GLU:OE2	0.51	2.44	8	1
1:A:356:GLU:CD	1:A:356:GLU:H	0.51	2.09	9	1
1:A:600:VAL:CG2	1:A:601:GLN:N	0.51	2.74	9	1
1:A:176:GLU:O	1:A:548:TYR:CD1	0.51	2.63	10	1
1:A:592:ILE:HG23	1:A:593:GLN:N	0.51	2.20	10	1
1:A:487:ARG:O	1:A:490:VAL:N	0.51	2.44	1	1
1:A:540:ALA:O	1:A:544:HIS:CD2	0.51	2.64	2	1
1:A:132:ASN:O	1:A:134:ARG:N	0.51	2.44	3	1
1:A:242:ILE:O	1:A:243:ASP:C	0.51	2.47	4	2
1:A:394:HIS:NE2	1:A:438:CYS:CB	0.51	2.73	4	1
1:A:134:ARG:NH1	1:A:262:GLU:OE1	0.51	2.39	5	1
1:A:148:ILE:HG22	1:A:162:ARG:HH22	0.51	1.66	6	1
1:A:325:SER:O	1:A:326:GLU:HB2	0.51	2.06	8	1
1:A:183:GLY:O	1:A:184:SER:HB2	0.51	2.05	10	1
1:A:637:ILE:CG2	1:A:641:HIS:NE2	0.51	2.73	10	1
1:A:189:VAL:CG2	1:A:190:ALA:N	0.51	2.74	9	8
1:A:28:THR:O	1:A:30:LEU:N	0.51	2.43	3	2
1:A:233:ASN:O	1:A:233:ASN:ND2	0.51	2.44	3	1
1:A:524:ASP:OD1	1:A:524:ASP:N	0.51	2.44	3	2
1:A:134:ARG:N	1:A:333:SER:OG	0.51	2.44	4	1
1:A:494:LEU:HD12	1:A:495:PHE:N	0.51	2.21	4	1
1:A:459:ASP:OD1	1:A:459:ASP:N	0.51	2.43	5	1
1:A:488:ASN:CG	1:A:489:ASN:N	0.51	2.65	5	1
1:A:581:VAL:O	1:A:581:VAL:CG2	0.51	2.59	6	1
1:A:121:ALA:O	1:A:122:MET:SD	0.51	2.69	7	1
1:A:144:GLY:O	1:A:619:LYS:NZ	0.51	2.42	7	2
1:A:118:VAL:C	1:A:632:ARG:NH2	0.51	2.63	9	1
1:A:147:ILE:HG22	1:A:147:ILE:O	0.51	2.06	10	1
1:A:564:GLU:O	1:A:566:ASN:N	0.51	2.44	10	1
1:A:47:ALA:HB1	1:A:355:ASN:HD21	0.50	1.67	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:119:VAL:CG2	1:A:269:LEU:HD23	0.50	2.35	1	1
1:A:103:THR:CG2	1:A:104:GLY:N	0.50	2.74	2	2
1:A:137:SER:OG	1:A:139:TYR:CD2	0.50	2.60	2	1
1:A:379:LYS:O	1:A:380:ASN:ND2	0.50	2.45	2	2
1:A:219:TYR:O	1:A:320:THR:N	0.50	2.40	4	3
1:A:574:ASP:OD1	1:A:574:ASP:N	0.50	2.43	3	3
1:A:200:ILE:HD13	1:A:200:ILE:H	0.50	1.65	4	1
1:A:498:LEU:O	1:A:499:ARG:C	0.50	2.49	10	2
1:A:197:GLN:OE1	1:A:216:PHE:CG	0.50	2.64	5	1
1:A:134:ARG:NE	1:A:332:ARG:O	0.50	2.42	6	1
1:A:336:PHE:CE1	1:A:389:VAL:HG13	0.50	2.41	6	1
1:A:65:ASP:N	1:A:65:ASP:OD1	0.50	2.44	7	2
1:A:487:ARG:O	1:A:489:ASN:ND2	0.50	2.44	8	1
1:A:131:ALA:O	1:A:333:SER:OG	0.50	2.29	9	1
1:A:32:ALA:O	1:A:35:PHE:N	0.50	2.44	10	1
1:A:121:ALA:O	1:A:286:LEU:HD21	0.50	2.06	1	1
1:A:202:LEU:O	1:A:204:ASN:N	0.50	2.43	6	6
1:A:175:ASP:OD1	1:A:176:GLU:N	0.50	2.43	3	1
1:A:316:ASP:OD1	1:A:317:ARG:N	0.50	2.41	3	1
1:A:601:GLN:NE2	1:A:622:ASP:OD1	0.50	2.44	3	1
1:A:378:GLN:O	1:A:378:GLN:CG	0.50	2.58	4	1
1:A:514:LEU:N	1:A:514:LEU:CD2	0.50	2.74	7	2
1:A:323:ASP:OD1	1:A:324:GLY:N	0.50	2.44	5	1
1:A:257:ASN:OD1	1:A:258:ASP:N	0.50	2.44	7	1
1:A:530:ALA:O	1:A:553:VAL:HG11	0.50	2.06	8	1
1:A:112:GLN:NE2	1:A:235:GLY:O	0.50	2.44	1	1
1:A:716:ARG:O	1:A:719:GLU:N	0.50	2.43	1	1
1:A:103:THR:OG1	1:A:104:GLY:N	0.50	2.43	4	1
1:A:457:THR:O	1:A:459:ASP:N	0.50	2.44	4	2
1:A:465:MET:SD	1:A:640:GLN:OE1	0.50	2.69	4	1
1:A:123:ASN:HD21	1:A:716:ARG:HH22	0.50	1.49	5	1
1:A:389:VAL:HG12	1:A:423:GLY:H	0.50	1.67	5	1
1:A:194:VAL:HG21	1:A:199:ARG:HG3	0.50	1.84	8	2
1:A:242:ILE:H	1:A:242:ILE:CD1	0.50	2.20	6	1
1:A:21:ASP:O	1:A:26:PRO:CG	0.50	2.59	7	1
1:A:242:ILE:N	1:A:242:ILE:HD13	0.50	2.21	7	2
1:A:345:THR:O	1:A:346:ILE:HG23	0.50	2.07	9	1
1:A:549:HIS:CG	1:A:550:GLN:N	0.50	2.78	9	1
1:A:293:LEU:N	1:A:293:LEU:CD2	0.50	2.74	10	1
1:A:455:ASP:OD1	1:A:455:ASP:N	0.50	2.45	10	1
1:A:337:ILE:HG22	1:A:338:ARG:H	0.50	1.65	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:503:GLN:C	1:A:504:ILE:HD12	0.50	2.27	3	2
1:A:234:ASN:ND2	1:A:548:TYR:CE2	0.50	2.79	6	1
1:A:696:LEU:O	1:A:696:LEU:HD23	0.50	2.06	6	1
1:A:9:ARG:NH1	1:A:44:HIS:CG	0.50	2.79	9	1
1:A:61:GLN:NE2	1:A:430:ARG:NH2	0.50	2.58	10	1
1:A:345:THR:HG22	1:A:346:ILE:N	0.50	2.19	10	1
1:A:668:ASP:O	1:A:671:ASN:N	0.50	2.36	10	1
1:A:441:GLN:O	1:A:441:GLN:NE2	0.50	2.45	1	1
1:A:148:ILE:O	1:A:150:GLN:N	0.50	2.44	2	1
1:A:494:LEU:C	1:A:494:LEU:CD1	0.50	2.80	2	1
1:A:512:PRO:O	1:A:515:MET:SD	0.50	2.69	4	2
1:A:290:LEU:HD13	1:A:290:LEU:O	0.50	2.06	3	2
1:A:646:LEU:HD13	1:A:646:LEU:O	0.50	2.07	3	2
1:A:136:GLY:O	1:A:137:SER:OG	0.50	2.29	4	2
1:A:444:ASN:ND2	1:A:444:ASN:N	0.50	2.56	6	1
1:A:339:ASN:N	1:A:339:ASN:HD22	0.50	2.04	7	1
1:A:713:HIS:C	1:A:713:HIS:CD2	0.50	2.85	9	1
1:A:336:PHE:CE2	1:A:387:TYR:CD2	0.50	2.99	10	1
1:A:526:LEU:HD11	1:A:551:THR:O	0.50	2.06	10	1
1:A:377:VAL:C	1:A:379:LYS:N	0.50	2.65	9	4
1:A:349:ILE:HD11	1:A:359:GLU:OE1	0.50	2.06	2	1
1:A:630:GLU:N	1:A:630:GLU:OE1	0.50	2.45	2	1
1:A:448:PHE:C	1:A:448:PHE:CD1	0.50	2.83	3	1
1:A:137:SER:O	1:A:141:ALA:CB	0.50	2.60	9	2
1:A:237:HIS:ND1	1:A:237:HIS:N	0.50	2.58	4	2
1:A:361:ILE:O	1:A:363:ASP:N	0.50	2.45	9	2
1:A:557:GLN:N	1:A:557:GLN:OE1	0.50	2.45	4	1
1:A:522:LYS:HZ1	1:A:544:HIS:CB	0.50	2.19	5	1
1:A:489:ASN:OD1	1:A:490:VAL:N	0.50	2.43	6	1
1:A:500:GLY:O	1:A:501:LYS:CG	0.50	2.60	6	1
1:A:553:VAL:HG23	1:A:554:GLN:N	0.50	2.22	8	1
1:A:434:ASN:ND2	1:A:436:ARG:NH1	0.50	2.60	9	1
1:A:388:ILE:HD13	1:A:388:ILE:N	0.50	2.22	1	1
1:A:21:ASP:HA	1:A:25:LEU:HD12	0.50	1.83	2	1
1:A:503:GLN:N	1:A:503:GLN:CD	0.50	2.65	6	4
1:A:198:LEU:CD1	1:A:198:LEU:N	0.50	2.75	9	4
1:A:442:ALA:HA	1:A:446:VAL:HG11	0.50	1.82	10	3
1:A:513:ASP:OD1	1:A:513:ASP:N	0.50	2.44	4	1
1:A:704:PRO:O	1:A:708:THR:OG1	0.50	2.29	4	1
1:A:340:VAL:CG2	1:A:341:GLY:N	0.50	2.75	5	1
1:A:581:VAL:HG22	1:A:582:ALA:N	0.50	2.22	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:9:ARG:HH11	1:A:44:HIS:CG	0.50	2.25	9	1
1:A:450:ASN:O	1:A:451:THR:CB	0.50	2.60	10	2
1:A:455:ASP:O	1:A:457:THR:N	0.50	2.45	8	3
1:A:405:LEU:N	1:A:405:LEU:HD12	0.50	2.22	5	1
1:A:663:MET:O	1:A:666:VAL:N	0.50	2.42	6	2
1:A:67:TRP:CH2	1:A:84:PHE:CE2	0.50	3.00	8	1
1:A:134:ARG:CZ	1:A:330:HIS:O	0.50	2.60	8	1
1:A:38:ASN:O	1:A:42:ILE:HG22	0.50	2.07	10	1
1:A:88:LEU:C	1:A:90:TYR:H	0.50	2.10	1	2
1:A:159:ASP:O	1:A:161:GLN:N	0.50	2.45	9	4
1:A:452:GLY:C	1:A:453:PHE:CG	0.50	2.84	1	1
1:A:420:LEU:O	1:A:445:ARG:CB	0.50	2.60	2	1
1:A:547:HIS:N	1:A:547:HIS:CD2	0.50	2.77	4	1
1:A:45:ASP:OD1	1:A:45:ASP:N	0.50	2.45	5	1
1:A:368:GLY:O	1:A:371:ALA:N	0.50	2.45	5	1
1:A:518:MET:O	1:A:520:SER:N	0.50	2.44	8	2
1:A:119:VAL:HG13	1:A:267:THR:OG1	0.50	2.06	7	1
1:A:444:ASN:CG	1:A:445:ARG:N	0.50	2.65	8	1
1:A:595:GLU:O	1:A:599:ASN:ND2	0.49	2.45	1	1
1:A:116:GLN:NE2	1:A:266:SER:OG	0.49	2.45	2	1
1:A:439:ILE:HD11	1:A:449:ILE:HD11	0.49	1.84	2	1
1:A:505:GLY:O	1:A:506:LYS:HB2	0.49	2.05	2	2
1:A:637:ILE:HG23	1:A:638:SER:N	0.49	2.22	4	1
1:A:197:GLN:NE2	1:A:198:LEU:O	0.49	2.45	6	1
1:A:365:VAL:O	1:A:367:THR:N	0.49	2.45	6	1
1:A:429:ARG:O	1:A:430:ARG:CB	0.49	2.60	7	1
1:A:299:GLN:NE2	1:A:299:GLN:O	0.49	2.44	9	1
1:A:542:THR:C	1:A:544:HIS:N	0.49	2.65	10	1
1:A:661:GLU:CD	1:A:662:ASN:N	0.49	2.65	10	1
1:A:142:LEU:HD12	1:A:142:LEU:H	0.49	1.68	1	1
1:A:444:ASN:N	1:A:444:ASN:OD1	0.49	2.43	1	3
1:A:316:ASP:OD2	1:A:382:ARG:NH1	0.49	2.45	2	1
1:A:108:GLU:CD	1:A:109:ILE:N	0.49	2.66	6	1
1:A:584:ASN:ND2	1:A:645:TRP:NE1	0.49	2.60	6	1
1:A:290:LEU:O	1:A:290:LEU:HD23	0.49	2.07	7	1
1:A:35:PHE:O	1:A:39:PHE:CD1	0.49	2.65	8	2
1:A:335:LEU:O	1:A:387:TYR:CE2	0.49	2.64	8	1
1:A:344:MET:SD	1:A:707:TYR:CG	0.49	3.05	8	1
1:A:506:LYS:NZ	1:A:534:TRP:CZ3	0.49	2.80	8	1
1:A:359:GLU:CD	1:A:360:GLY:N	0.49	2.65	9	1
1:A:169:TRP:CE2	1:A:173:PHE:CE1	0.49	3.00	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:336:PHE:CZ	1:A:387:TYR:CD2	0.49	3.00	10	1
1:A:486:GLU:CD	1:A:487:ARG:NH1	0.49	2.66	10	1
1:A:695:ASP:N	1:A:695:ASP:OD1	0.49	2.42	10	1
1:A:719:GLU:CD	1:A:720:LYS:N	0.49	2.66	10	1
1:A:176:GLU:N	1:A:176:GLU:OE1	0.49	2.45	1	2
1:A:397:GLN:CD	1:A:397:GLN:H	0.49	2.11	6	2
1:A:47:ALA:N	1:A:48:PRO:CD	0.49	2.75	2	2
1:A:202:LEU:H	1:A:207:GLU:H	0.49	1.49	4	1
1:A:290:LEU:C	1:A:290:LEU:CD1	0.49	2.81	10	2
1:A:367:THR:CG2	1:A:368:GLY:N	0.49	2.76	5	1
1:A:376:LYS:CG	1:A:377:VAL:N	0.49	2.75	5	1
1:A:416:ALA:H	1:A:417:PRO:HD2	0.49	1.66	5	1
1:A:637:ILE:CG1	1:A:638:SER:N	0.49	2.76	5	1
1:A:635:LEU:HD22	1:A:636:ARG:NH2	0.49	2.23	6	1
1:A:565:PHE:CD1	1:A:565:PHE:N	0.49	2.80	7	1
1:A:509:TRP:O	1:A:509:TRP:CD1	0.49	2.65	8	1
1:A:640:GLN:NE2	1:A:705:ASN:O	0.49	2.45	8	1
1:A:233:ASN:ND2	1:A:234:ASN:H	0.49	2.06	9	1
1:A:335:LEU:O	1:A:387:TYR:CG	0.49	2.64	9	1
1:A:112:GLN:NE2	1:A:113:ALA:C	0.49	2.66	10	1
1:A:30:LEU:HD23	1:A:31:ASP:H	0.49	1.67	1	1
1:A:292:GLY:O	1:A:295:GLN:N	0.49	2.41	9	3
1:A:383:THR:C	1:A:385:SER:N	0.49	2.66	10	6
1:A:428:GLU:O	1:A:429:ARG:CB	0.49	2.58	1	1
1:A:600:VAL:HG11	1:A:663:MET:SD	0.49	2.47	2	2
1:A:94:GLN:C	1:A:96:GLU:H	0.49	2.09	3	1
1:A:128:LEU:HD21	1:A:298:LEU:O	0.49	2.07	3	1
1:A:372:LEU:HA	1:A:375:LEU:HD12	0.49	1.84	3	2
1:A:257:ASN:ND2	1:A:257:ASN:C	0.49	2.65	4	1
1:A:42:ILE:O	1:A:46:LEU:N	0.49	2.39	6	2
1:A:244:ALA:C	1:A:246:GLY:H	0.49	2.11	6	3
1:A:290:LEU:HD22	1:A:370:ILE:HD13	0.49	1.83	7	1
1:A:446:VAL:HG23	1:A:447:ALA:N	0.49	2.22	7	1
1:A:498:LEU:HD22	1:A:502:ALA:CB	0.49	2.37	7	1
1:A:57:ARG:NE	1:A:427:GLU:OE1	0.49	2.45	8	1
1:A:377:VAL:C	1:A:379:LYS:H	0.49	2.11	9	1
1:A:177:SER:OG	1:A:178:LEU:N	0.49	2.46	10	1
1:A:276:ALA:HB2	1:A:610:TRP:CZ2	0.49	2.43	10	1
1:A:293:LEU:N	1:A:293:LEU:HD22	0.49	2.21	10	1
1:A:121:ALA:O	1:A:286:LEU:CD2	0.49	2.59	1	2
1:A:448:PHE:CE2	1:A:498:LEU:HD21	0.49	2.42	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:43:VAL:CG1	1:A:359:GLU:OE2	0.49	2.61	2	1
1:A:105:ILE:HD13	1:A:105:ILE:H	0.49	1.68	2	1
1:A:237:HIS:O	1:A:262:GLU:OE1	0.49	2.29	7	3
1:A:449:ILE:N	1:A:449:ILE:CD1	0.49	2.68	2	2
1:A:637:ILE:H	1:A:637:ILE:CD1	0.49	2.16	2	1
1:A:288:ARG:O	1:A:292:GLY:N	0.49	2.46	4	1
1:A:148:ILE:N	1:A:149:PRO:HD2	0.49	2.19	5	2
1:A:148:ILE:H	1:A:149:PRO:CD	0.49	2.18	5	2
1:A:56:GLU:OE1	1:A:56:GLU:CA	0.49	2.61	6	1
1:A:242:ILE:N	1:A:242:ILE:CD1	0.49	2.75	6	2
1:A:267:THR:HG22	1:A:334:LEU:O	0.49	2.08	7	1
1:A:482:ILE:HG23	1:A:483:LYS:N	0.49	2.21	10	2
1:A:664:ALA:O	1:A:668:ASP:OD1	0.49	2.30	7	1
1:A:134:ARG:H	1:A:134:ARG:HD3	0.49	1.68	10	1
1:A:207:GLU:CD	1:A:207:GLU:N	0.49	2.66	5	2
1:A:342:HIS:O	1:A:345:THR:HG23	0.49	2.07	1	1
1:A:132:ASN:C	1:A:134:ARG:N	0.49	2.65	3	1
1:A:143:TYR:OH	1:A:159:ASP:N	0.49	2.40	3	1
1:A:299:GLN:NE2	1:A:312:LYS:NZ	0.49	2.61	4	1
1:A:604:LEU:O	1:A:608:VAL:CG1	0.49	2.61	4	5
1:A:198:LEU:HD13	1:A:216:PHE:CE1	0.49	2.42	5	1
1:A:329:LEU:N	1:A:329:LEU:HD12	0.49	2.23	5	1
1:A:356:GLU:O	1:A:357:ILE:O	0.49	2.30	10	2
1:A:128:LEU:HD12	1:A:299:GLN:CB	0.49	2.38	7	1
1:A:339:ASN:O	1:A:391:PRO:CD	0.49	2.61	7	1
1:A:628:LEU:HD22	1:A:628:LEU:H	0.49	1.65	10	1
1:A:241:GLN:HB2	1:A:260:ILE:HD11	0.49	1.83	1	1
1:A:103:THR:CG2	1:A:104:GLY:H	0.49	2.17	2	1
1:A:604:LEU:O	1:A:604:LEU:HD23	0.49	2.07	7	2
1:A:76:LYS:NZ	1:A:76:LYS:CB	0.49	2.76	4	1
1:A:632:ARG:N	1:A:632:ARG:NE	0.49	2.61	5	1
1:A:533:ALA:HB3	1:A:544:HIS:CE1	0.49	2.43	7	1
1:A:10:LEU:HD12	1:A:10:LEU:C	0.49	2.28	9	1
1:A:231:LEU:N	1:A:238:ILE:O	0.49	2.44	10	1
1:A:345:THR:HG21	1:A:360:GLY:CA	0.49	2.38	10	1
1:A:711:LEU:C	1:A:711:LEU:HD23	0.49	2.28	10	1
1:A:127:ALA:O	1:A:131:ALA:CB	0.49	2.61	2	2
1:A:535:VAL:HG21	1:A:541:ALA:HB2	0.49	1.84	1	1
1:A:17:LYS:CB	1:A:17:LYS:NZ	0.49	2.75	2	1
1:A:239:GLU:CD	1:A:317:ARG:NH1	0.49	2.66	3	1
1:A:271:CYS:O	1:A:271:CYS:SG	0.49	2.71	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:342:HIS:CE1	1:A:343:LEU:CD1	0.49	2.96	4	1
1:A:7:GLN:O	1:A:9:ARG:N	0.49	2.46	6	1
1:A:68:HIS:CD2	1:A:81:TYR:OH	0.49	2.65	6	1
1:A:454:LEU:CD2	1:A:455:ASP:H	0.49	2.21	6	1
1:A:625:ASN:N	1:A:625:ASN:ND2	0.49	2.60	9	1
1:A:666:VAL:O	1:A:669:GLN:N	0.49	2.42	10	1
1:A:282:ASP:N	1:A:282:ASP:OD1	0.49	2.45	6	3
1:A:450:ASN:N	1:A:450:ASN:HD22	0.49	2.05	1	1
1:A:640:GLN:NE2	1:A:707:TYR:CE1	0.49	2.81	2	1
1:A:318:HIS:CD2	1:A:318:HIS:N	0.49	2.81	8	3
1:A:382:ARG:NE	1:A:382:ARG:CA	0.49	2.76	4	1
1:A:529:GLY:O	1:A:530:ALA:O	0.49	2.31	4	1
1:A:592:ILE:O	1:A:596:LEU:N	0.49	2.41	4	1
1:A:109:ILE:N	1:A:109:ILE:HD13	0.49	2.20	7	1
1:A:298:LEU:HD12	1:A:298:LEU:N	0.49	2.13	9	2
1:A:424:ILE:O	1:A:449:ILE:HG21	0.49	2.07	7	1
1:A:709:GLU:H	1:A:709:GLU:CD	0.49	2.11	8	1
1:A:114:GLY:N	1:A:265:ILE:HD11	0.49	2.22	1	1
1:A:190:ALA:C	1:A:191:PHE:CD1	0.49	2.87	1	3
1:A:612:GLU:CG	1:A:613:GLN:N	0.49	2.75	1	1
1:A:564:GLU:CD	1:A:564:GLU:N	0.49	2.66	2	2
1:A:275:VAL:HG22	1:A:276:ALA:N	0.49	2.22	4	1
1:A:57:ARG:O	1:A:60:ILE:HG22	0.49	2.07	5	1
1:A:687:SER:O	1:A:688:CYS:C	0.49	2.51	6	1
1:A:631:ASP:C	1:A:633:ALA:N	0.49	2.67	8	3
1:A:527:ARG:CZ	1:A:551:THR:OG1	0.49	2.60	8	1
1:A:63:ALA:O	1:A:67:TRP:CD1	0.49	2.65	9	1
1:A:362:LEU:N	1:A:362:LEU:CD2	0.49	2.76	10	1
1:A:366:MET:O	1:A:368:GLY:N	0.48	2.46	1	2
1:A:626:VAL:O	1:A:627:ALA:CB	0.48	2.61	1	2
1:A:124:ALA:O	1:A:127:ALA:N	0.48	2.41	2	1
1:A:298:LEU:CD1	1:A:299:GLN:N	0.48	2.75	2	1
1:A:315:ASP:O	1:A:316:ASP:CB	0.48	2.61	9	2
1:A:208:THR:HG22	1:A:209:THR:H	0.48	1.68	3	1
1:A:449:ILE:CG2	1:A:503:GLN:O	0.48	2.61	3	1
1:A:717:LEU:N	1:A:717:LEU:HD12	0.48	2.23	5	1
1:A:313:LEU:H	1:A:313:LEU:CD1	0.48	2.19	6	1
1:A:454:LEU:O	1:A:458:GLY:N	0.48	2.41	7	1
1:A:114:GLY:O	1:A:532:THR:CG2	0.48	2.61	9	1
1:A:421:LYS:HB2	1:A:421:LYS:HZ3	0.48	1.69	9	1
1:A:108:GLU:HG2	1:A:334:LEU:HD22	0.48	1.84	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:119:VAL:CG2	1:A:119:VAL:O	0.48	2.60	1	1
1:A:150:GLN:NE2	1:A:150:GLN:C	0.48	2.67	1	1
1:A:226:PRO:C	1:A:228:CYS:N	0.48	2.66	2	3
1:A:147:ILE:HG23	1:A:148:ILE:HG23	0.48	1.85	2	1
1:A:199:ARG:NH2	1:A:201:GLN:CD	0.48	2.66	2	1
1:A:43:VAL:O	1:A:47:ALA:CB	0.48	2.61	6	3
1:A:370:ILE:CD1	1:A:370:ILE:N	0.48	2.76	5	1
1:A:422:MET:C	1:A:447:ALA:CB	0.48	2.81	5	4
1:A:577:LEU:O	1:A:578:THR:CB	0.48	2.61	7	2
1:A:252:ASP:OD2	1:A:255:HIS:N	0.48	2.46	6	1
1:A:237:HIS:CG	1:A:262:GLU:OE2	0.48	2.66	10	1
1:A:344:MET:SD	1:A:709:GLU:OE2	0.48	2.71	10	1
1:A:585:ALA:HB2	1:A:645:TRP:CZ3	0.48	2.43	10	1
1:A:139:TYR:CD2	1:A:140:ASP:OD1	0.48	2.66	1	1
1:A:315:ASP:CG	1:A:332:ARG:HH12	0.48	2.11	2	1
1:A:132:ASN:C	1:A:134:ARG:H	0.48	2.12	3	1
1:A:338:ARG:NH1	1:A:456:ARG:NH2	0.48	2.60	3	1
1:A:575:ASP:C	1:A:577:LEU:N	0.48	2.66	10	2
1:A:615:ILE:CG2	1:A:616:GLY:H	0.48	2.15	3	1
1:A:38:ASN:ND2	1:A:38:ASN:C	0.48	2.66	4	1
1:A:323:ASP:OD1	1:A:323:ASP:N	0.48	2.44	4	1
1:A:637:ILE:O	1:A:640:GLN:N	0.48	2.45	10	2
1:A:720:LYS:C	1:A:722:SER:N	0.48	2.66	4	1
1:A:417:PRO:O	1:A:418:ASN:CB	0.48	2.61	5	1
1:A:444:ASN:HD22	1:A:445:ARG:N	0.48	2.05	6	2
1:A:500:GLY:O	1:A:501:LYS:CB	0.48	2.61	6	1
1:A:56:GLU:OE2	1:A:59:ARG:NH1	0.48	2.46	7	1
1:A:281:GLU:O	1:A:284:ILE:HG22	0.48	2.07	7	1
1:A:629:MET:SD	1:A:629:MET:C	0.48	2.92	7	1
1:A:526:LEU:C	1:A:526:LEU:CD1	0.48	2.82	8	1
1:A:433:LEU:HD12	1:A:434:ASN:H	0.48	1.68	10	1
1:A:53:LEU:O	1:A:56:GLU:N	0.48	2.42	1	1
1:A:53:LEU:HD12	1:A:53:LEU:H	0.48	1.68	4	1
1:A:107:SER:O	1:A:110:THR:OG1	0.48	2.32	4	1
1:A:435:LEU:O	1:A:439:ILE:N	0.48	2.35	6	1
1:A:560:ILE:HG22	1:A:565:PHE:CE2	0.48	2.44	6	1
1:A:234:ASN:OD1	1:A:551:THR:O	0.48	2.31	7	1
1:A:449:ILE:CG2	1:A:502:ALA:HB1	0.48	2.38	9	1
1:A:508:MET:O	1:A:509:TRP:CG	0.48	2.66	9	1
1:A:172:ARG:O	1:A:176:GLU:OE1	0.48	2.31	1	1
1:A:659:SER:O	1:A:663:MET:SD	0.48	2.71	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:18:ARG:O	1:A:22:GLU:N	0.48	2.40	2	3
1:A:258:ASP:OD1	1:A:258:ASP:N	0.48	2.46	10	2
1:A:459:ASP:OD2	1:A:707:TYR:CZ	0.48	2.67	3	1
1:A:570:GLU:CB	1:A:571:PRO:CD	0.48	2.90	3	5
1:A:278:VAL:CG2	1:A:347:PRO:O	0.48	2.62	4	1
1:A:518:MET:C	1:A:520:SER:N	0.48	2.66	8	2
1:A:66:GLU:O	1:A:69:ARG:N	0.48	2.47	7	1
1:A:344:MET:SD	1:A:707:TYR:CE2	0.48	3.07	8	1
1:A:509:TRP:O	1:A:509:TRP:CG	0.48	2.66	8	1
1:A:343:LEU:O	1:A:357:ILE:O	0.48	2.32	1	1
1:A:383:THR:C	1:A:385:SER:H	0.48	2.11	6	6
1:A:299:GLN:HE21	1:A:299:GLN:C	0.48	2.12	2	1
1:A:351:ASP:OD2	1:A:357:ILE:HG21	0.48	2.08	2	1
1:A:366:MET:O	1:A:366:MET:SD	0.48	2.71	2	1
1:A:377:VAL:O	1:A:378:GLN:C	0.48	2.51	2	4
1:A:565:PHE:C	1:A:567:ALA:N	0.48	2.66	6	5
1:A:380:ASN:ND2	1:A:382:ARG:NH2	0.48	2.61	4	1
1:A:542:THR:O	1:A:545:ALA:N	0.48	2.46	4	1
1:A:717:LEU:N	1:A:717:LEU:CD1	0.48	2.76	5	1
1:A:209:THR:CG2	1:A:210:LEU:N	0.48	2.77	6	2
1:A:128:LEU:CD2	1:A:132:ASN:ND2	0.48	2.77	8	1
1:A:151:GLU:CD	1:A:619:LYS:NZ	0.48	2.67	8	1
1:A:439:ILE:HG12	1:A:498:LEU:HD11	0.48	1.86	8	1
1:A:119:VAL:O	1:A:119:VAL:HG23	0.48	2.07	1	1
1:A:202:LEU:C	1:A:204:ASN:N	0.48	2.67	6	6
1:A:248:ILE:C	1:A:250:LYS:N	0.48	2.66	7	6
1:A:519:TYR:CD1	1:A:519:TYR:C	0.48	2.86	1	1
1:A:538:PRO:O	1:A:541:ALA:HB3	0.48	2.09	1	1
1:A:539:THR:O	1:A:541:ALA:N	0.48	2.47	1	1
1:A:423:GLY:C	1:A:425:MET:SD	0.48	2.92	2	1
1:A:49:GLU:CG	1:A:50:ASN:N	0.48	2.76	5	1
1:A:632:ARG:HE	1:A:633:ALA:N	0.48	2.07	5	1
1:A:544:HIS:CD2	1:A:544:HIS:C	0.48	2.87	6	1
1:A:361:ILE:HD13	1:A:361:ILE:O	0.48	2.08	7	1
1:A:632:ARG:HH22	1:A:712:LEU:HD13	0.48	1.67	7	1
1:A:273:ASP:OD2	1:A:338:ARG:O	0.48	2.32	8	1
1:A:498:LEU:HD22	1:A:498:LEU:N	0.48	2.23	8	1
1:A:293:LEU:O	1:A:293:LEU:HD13	0.48	2.09	9	1
1:A:181:GLU:C	1:A:182:ASN:ND2	0.48	2.67	10	1
1:A:78:LYS:O	1:A:82:LYS:CB	0.48	2.62	1	2
1:A:184:SER:OG	1:A:185:TYR:N	0.48	2.46	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:376:LYS:O	1:A:377:VAL:C	0.48	2.51	3	5
1:A:227:THR:HG22	1:A:227:THR:O	0.48	2.08	7	2
1:A:385:SER:OG	1:A:386:VAL:N	0.48	2.46	2	1
1:A:78:LYS:O	1:A:82:LYS:CG	0.48	2.62	3	1
1:A:321:ALA:C	1:A:323:ASP:N	0.48	2.67	3	1
1:A:389:VAL:HG13	1:A:389:VAL:O	0.48	2.09	3	2
1:A:512:PRO:C	1:A:514:LEU:H	0.48	2.11	5	2
1:A:448:PHE:CE2	1:A:503:GLN:OE1	0.48	2.67	6	1
1:A:498:LEU:O	1:A:499:ARG:CG	0.48	2.61	7	1
1:A:531:ASN:O	1:A:548:TYR:CZ	0.48	2.67	7	1
1:A:244:ALA:C	1:A:246:GLY:N	0.48	2.66	8	1
1:A:578:THR:HG23	1:A:578:THR:O	0.48	2.08	9	1
1:A:414:GLY:C	1:A:416:ALA:N	0.48	2.66	7	2
1:A:418:ASN:O	1:A:419:THR:OG1	0.48	2.31	6	2
1:A:579:ILE:CD1	1:A:581:VAL:HG12	0.48	2.38	1	1
1:A:97:ARG:CG	1:A:98:VAL:N	0.48	2.77	2	1
1:A:226:PRO:O	1:A:228:CYS:N	0.48	2.46	2	1
1:A:584:ASN:OD1	1:A:585:ALA:N	0.48	2.46	2	1
1:A:608:VAL:O	1:A:612:GLU:CG	0.48	2.62	4	2
1:A:234:ASN:CG	1:A:549:HIS:CE1	0.48	2.87	5	1
1:A:442:ALA:CB	1:A:446:VAL:HG23	0.48	2.38	5	1
1:A:164:GLU:OE1	1:A:164:GLU:CA	0.48	2.62	6	1
1:A:586:ASN:O	1:A:586:ASN:CG	0.48	2.53	6	1
1:A:656:VAL:O	1:A:660:LEU:HD12	0.48	2.08	6	1
1:A:512:PRO:O	1:A:513:ASP:CB	0.48	2.62	10	2
1:A:418:ASN:O	1:A:419:THR:CB	0.48	2.59	8	1
1:A:531:ASN:CG	1:A:548:TYR:HH	0.48	2.12	8	1
1:A:260:ILE:HD12	1:A:260:ILE:N	0.48	2.24	9	1
1:A:640:GLN:CD	1:A:640:GLN:N	0.48	2.67	9	1
1:A:77:ASP:C	1:A:79:ALA:N	0.48	2.67	10	1
1:A:554:GLN:OE1	1:A:554:GLN:O	0.48	2.32	10	1
1:A:152:GLY:O	1:A:153:ALA:HB3	0.48	2.09	1	1
1:A:213:PRO:C	1:A:215:GLN:N	0.48	2.67	6	5
1:A:62:ALA:O	1:A:65:ASP:OD2	0.48	2.32	3	1
1:A:215:GLN:OE1	1:A:233:ASN:ND2	0.48	2.47	5	1
1:A:386:VAL:HG12	1:A:388:ILE:HD11	0.48	1.85	6	2
1:A:414:GLY:C	1:A:415:MET:SD	0.48	2.93	6	1
1:A:498:LEU:N	1:A:498:LEU:CD1	0.48	2.71	9	2
1:A:715:TRP:CE3	1:A:719:GLU:OE1	0.48	2.66	6	1
1:A:570:GLU:N	1:A:570:GLU:CD	0.48	2.67	8	1
1:A:506:LYS:CD	1:A:506:LYS:N	0.48	2.76	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:180:LEU:C	1:A:182:ASN:N	0.48	2.67	10	1
1:A:414:GLY:O	1:A:415:MET:O	0.48	2.31	10	1
1:A:425:MET:CG	1:A:450:ASN:OD1	0.47	2.61	2	1
1:A:430:ARG:N	1:A:460:GLU:OE1	0.47	2.47	3	1
1:A:557:GLN:CG	1:A:558:ALA:N	0.47	2.77	3	2
1:A:228:CYS:SG	1:A:241:GLN:OE1	0.47	2.72	4	1
1:A:430:ARG:CG	1:A:431:THR:N	0.47	2.76	4	1
1:A:584:ASN:CG	1:A:587:TRP:CZ3	0.47	2.87	4	1
1:A:148:ILE:H	1:A:149:PRO:HD3	0.47	1.69	5	1
1:A:458:GLY:O	1:A:460:GLU:N	0.47	2.47	9	1
1:A:546:LEU:O	1:A:548:TYR:N	0.47	2.46	10	1
1:A:80:ALA:O	1:A:84:PHE:CD2	0.47	2.67	1	1
1:A:324:GLY:O	1:A:325:SER:O	0.47	2.32	1	1
1:A:578:THR:HG22	1:A:579:ILE:N	0.47	2.24	10	3
1:A:522:LYS:HZ2	1:A:522:LYS:CB	0.47	2.22	3	1
1:A:608:VAL:CG1	1:A:609:ARG:N	0.47	2.78	4	5
1:A:601:GLN:HE21	1:A:667:VAL:CG2	0.47	2.22	5	1
1:A:67:TRP:NE1	1:A:84:PHE:CD2	0.47	2.82	7	1
1:A:643:ALA:O	1:A:647:ARG:CG	0.47	2.62	7	1
1:A:248:ILE:CG2	1:A:249:GLY:N	0.47	2.76	8	1
1:A:361:ILE:CG2	1:A:362:LEU:N	0.47	2.77	8	1
1:A:609:ARG:CZ	1:A:670:GLN:OE1	0.47	2.61	9	1
1:A:531:ASN:ND2	1:A:552:ASN:CG	0.47	2.68	10	1
1:A:576:LEU:C	1:A:576:LEU:CD1	0.47	2.81	1	1
1:A:465:MET:C	1:A:467:ALA:H	0.47	2.12	7	4
1:A:606:TYR:O	1:A:610:TRP:CB	0.47	2.62	10	4
1:A:704:PRO:C	1:A:706:GLY:N	0.47	2.67	5	2
1:A:40:ASP:OD1	1:A:44:HIS:CE1	0.47	2.67	4	1
1:A:378:GLN:O	1:A:378:GLN:CD	0.47	2.52	4	1
1:A:123:ASN:O	1:A:124:ALA:CB	0.47	2.61	5	1
1:A:290:LEU:C	1:A:292:GLY:N	0.47	2.66	10	2
1:A:293:LEU:HD23	1:A:293:LEU:N	0.47	2.25	5	1
1:A:343:LEU:HD23	1:A:343:LEU:H	0.47	1.69	5	1
1:A:713:HIS:O	1:A:716:ARG:N	0.47	2.41	5	1
1:A:341:GLY:O	1:A:342:HIS:CG	0.47	2.68	6	1
1:A:645:TRP:O	1:A:648:HIS:N	0.47	2.42	6	1
1:A:671:ASN:N	1:A:671:ASN:ND2	0.47	2.62	6	1
1:A:600:VAL:O	1:A:602:GLY:N	0.47	2.47	7	1
1:A:430:ARG:NH2	1:A:459:ASP:CB	0.47	2.77	8	1
1:A:271:CYS:C	1:A:273:ASP:N	0.47	2.66	9	1
1:A:433:LEU:N	1:A:433:LEU:HD12	0.47	2.21	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:454:LEU:O	1:A:457:THR:N	0.47	2.43	9	1
1:A:640:GLN:N	1:A:640:GLN:OE1	0.47	2.44	9	1
1:A:121:ALA:N	1:A:122:MET:SD	0.47	2.87	1	1
1:A:429:ARG:CZ	1:A:460:GLU:OE2	0.47	2.63	1	1
1:A:596:LEU:O	1:A:600:VAL:HG23	0.47	2.09	1	1
1:A:78:LYS:CE	1:A:574:ASP:OD2	0.47	2.62	2	1
1:A:335:LEU:HD22	1:A:335:LEU:H	0.47	1.68	2	1
1:A:634:THR:O	1:A:637:ILE:CD1	0.47	2.62	2	1
1:A:653:LYS:CB	1:A:653:LYS:NZ	0.47	2.77	2	1
1:A:17:LYS:O	1:A:21:ASP:CB	0.47	2.63	3	3
1:A:433:LEU:C	1:A:433:LEU:HD13	0.47	2.29	3	1
1:A:609:ARG:HH12	1:A:671:ASN:HD21	0.47	1.52	3	1
1:A:635:LEU:C	1:A:635:LEU:CD1	0.47	2.81	3	2
1:A:92:VAL:HG23	1:A:94:GLN:HE22	0.47	1.69	4	1
1:A:106:ASP:O	1:A:110:THR:OG1	0.47	2.33	7	2
1:A:282:ASP:C	1:A:284:ILE:H	0.47	2.13	5	1
1:A:450:ASN:OD1	1:A:532:THR:OG1	0.47	2.31	6	1
1:A:557:GLN:N	1:A:557:GLN:HE21	0.47	2.04	6	1
1:A:631:ASP:O	1:A:633:ALA:N	0.47	2.47	8	4
1:A:635:LEU:C	1:A:637:ILE:N	0.47	2.68	7	1
1:A:377:VAL:O	1:A:378:GLN:CG	0.47	2.62	8	1
1:A:455:ASP:CG	1:A:637:ILE:HG23	0.47	2.30	8	1
1:A:197:GLN:HE22	1:A:213:PRO:CB	0.47	2.22	9	1
1:A:711:LEU:C	1:A:711:LEU:CD1	0.47	2.80	9	1
1:A:132:ASN:OD1	1:A:298:LEU:CD2	0.47	2.61	10	1
1:A:39:PHE:CZ	1:A:43:VAL:HG21	0.47	2.45	1	2
1:A:509:TRP:CD1	1:A:510:ALA:N	0.47	2.81	2	1
1:A:631:ASP:C	1:A:633:ALA:H	0.47	2.12	9	3
1:A:344:MET:SD	1:A:707:TYR:CD2	0.47	3.08	8	1
1:A:489:ASN:CG	1:A:490:VAL:N	0.47	2.68	8	1
1:A:147:ILE:CG2	1:A:147:ILE:O	0.47	2.63	9	1
1:A:485:TYR:CD1	1:A:486:GLU:N	0.47	2.82	9	1
1:A:592:ILE:CG2	1:A:593:GLN:N	0.47	2.77	10	1
1:A:210:LEU:C	1:A:212:THR:N	0.47	2.67	1	1
1:A:269:LEU:O	1:A:270:ASP:OD2	0.47	2.32	2	2
1:A:373:TYR:CD1	1:A:373:TYR:C	0.47	2.88	2	1
1:A:421:LYS:CG	1:A:446:VAL:O	0.47	2.62	2	1
1:A:587:TRP:CZ3	1:A:645:TRP:CH2	0.47	3.02	2	1
1:A:53:LEU:HD13	1:A:53:LEU:O	0.47	2.10	8	2
1:A:522:LYS:HZ2	1:A:522:LYS:HB2	0.47	1.68	3	1
1:A:699:LEU:C	1:A:701:VAL:N	0.47	2.68	3	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:161:GLN:CD	1:A:161:GLN:N	0.47	2.68	4	1
1:A:355:ASN:C	1:A:357:ILE:N	0.47	2.66	4	1
1:A:383:THR:O	1:A:383:THR:HG22	0.47	2.09	4	1
1:A:510:ALA:H	1:A:631:ASP:CG	0.47	2.11	4	1
1:A:529:GLY:O	1:A:557:GLN:NE2	0.47	2.47	4	1
1:A:585:ALA:O	1:A:586:ASN:HB2	0.47	2.09	6	1
1:A:643:ALA:O	1:A:701:VAL:CG1	0.47	2.62	6	1
1:A:715:TRP:CE3	1:A:719:GLU:CD	0.47	2.88	6	1
1:A:233:ASN:C	1:A:235:GLY:N	0.47	2.66	9	2
1:A:334:LEU:HD12	1:A:334:LEU:N	0.47	2.25	7	1
1:A:137:SER:CB	1:A:140:ASP:OD1	0.47	2.62	8	1
1:A:595:GLU:N	1:A:595:GLU:CD	0.47	2.68	10	1
1:A:47:ALA:CB	1:A:48:PRO:CD	0.47	2.91	1	2
1:A:194:VAL:HG21	1:A:199:ARG:HB2	0.47	1.87	1	1
1:A:226:PRO:C	1:A:228:CYS:H	0.47	2.12	1	2
1:A:371:ALA:C	1:A:373:TYR:N	0.47	2.67	5	4
1:A:403:ASN:ND2	1:A:441:GLN:HE22	0.47	2.07	1	1
1:A:419:THR:O	1:A:419:THR:OG1	0.47	2.32	1	1
1:A:422:MET:HB3	1:A:447:ALA:HB2	0.47	1.85	1	1
1:A:62:ALA:O	1:A:65:ASP:OD1	0.47	2.32	2	1
1:A:254:ALA:C	1:A:256:ILE:N	0.47	2.68	8	4
1:A:269:LEU:HD11	1:A:335:LEU:HB3	0.47	1.86	2	1
1:A:11:ARG:O	1:A:12:ILE:CG2	0.47	2.61	4	3
1:A:117:LEU:HD21	1:A:537:SER:O	0.47	2.10	5	1
1:A:364:GLY:O	1:A:367:THR:HG22	0.47	2.08	5	1
1:A:371:ALA:O	1:A:374:ASP:OD2	0.47	2.32	8	2
1:A:645:TRP:C	1:A:647:ARG:N	0.47	2.68	6	1
1:A:654:GLU:CG	1:A:655:GLN:N	0.47	2.77	6	1
1:A:287:TYR:OH	1:A:370:ILE:HD11	0.47	2.10	7	1
1:A:591:GLU:O	1:A:594:GLN:N	0.47	2.47	7	2
1:A:436:ARG:NH2	1:A:569:PHE:CE1	0.47	2.83	8	1
1:A:554:GLN:O	1:A:558:ALA:HB2	0.47	2.10	8	1
1:A:649:GLY:O	1:A:650:ILE:CG2	0.47	2.63	8	1
1:A:436:ARG:N	1:A:436:ARG:NE	0.47	2.62	9	1
1:A:490:VAL:HG21	1:A:529:GLY:O	0.47	2.09	9	1
1:A:657:GLN:CD	1:A:658:ALA:N	0.47	2.68	9	1
1:A:697:ILE:N	1:A:697:ILE:CD1	0.47	2.64	9	1
1:A:118:VAL:CG2	1:A:534:TRP:NE1	0.47	2.76	10	1
1:A:231:LEU:O	1:A:238:ILE:N	0.47	2.37	10	1
1:A:439:ILE:CG2	1:A:440:ALA:N	0.47	2.78	10	1
1:A:482:ILE:HD13	1:A:482:ILE:O	0.47	2.09	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:450:ASN:N	1:A:450:ASN:ND2	0.47	2.63	1	1
1:A:531:ASN:ND2	1:A:532:THR:N	0.47	2.62	2	1
1:A:652:THR:O	1:A:655:GLN:N	0.47	2.42	2	1
1:A:487:ARG:O	1:A:491:LEU:HD12	0.47	2.10	3	1
1:A:586:ASN:O	1:A:587:TRP:O	0.47	2.32	4	1
1:A:90:TYR:CZ	1:A:394:HIS:CD2	0.47	3.03	5	1
1:A:485:TYR:O	1:A:488:ASN:OD1	0.47	2.33	5	1
1:A:277:ALA:O	1:A:278:VAL:CG1	0.47	2.63	9	2
1:A:278:VAL:HG23	1:A:278:VAL:O	0.47	2.09	6	2
1:A:326:GLU:CD	1:A:326:GLU:N	0.47	2.69	6	1
1:A:454:LEU:C	1:A:456:ARG:N	0.47	2.68	8	3
1:A:132:ASN:O	1:A:132:ASN:CG	0.47	2.53	7	1
1:A:526:LEU:HD12	1:A:530:ALA:O	0.47	2.09	10	2
1:A:515:MET:C	1:A:515:MET:SD	0.47	2.93	8	1
1:A:526:LEU:CD2	1:A:530:ALA:O	0.47	2.63	8	1
1:A:193:VAL:HG13	1:A:219:TYR:CZ	0.47	2.43	10	1
1:A:547:HIS:O	1:A:551:THR:N	0.47	2.48	10	1
1:A:91:LEU:O	1:A:92:VAL:CG1	0.47	2.62	1	1
1:A:117:LEU:O	1:A:267:THR:HA	0.47	2.10	2	1
1:A:273:ASP:OD1	1:A:636:ARG:CZ	0.47	2.63	2	1
1:A:642:ILE:CG2	1:A:643:ALA:N	0.47	2.78	2	1
1:A:524:ASP:O	1:A:527:ARG:N	0.47	2.46	7	3
1:A:335:LEU:HD12	1:A:335:LEU:O	0.47	2.10	4	1
1:A:406:PHE:CE2	1:A:410:GLU:CD	0.47	2.88	5	1
1:A:694:SER:OG	1:A:695:ASP:N	0.47	2.48	6	1
1:A:184:SER:O	1:A:187:ASP:OD1	0.47	2.33	7	3
1:A:419:THR:CG2	1:A:444:ASN:OD1	0.47	2.63	8	1
1:A:578:THR:HG22	1:A:579:ILE:H	0.47	1.70	10	1
1:A:286:LEU:O	1:A:286:LEU:HD23	0.47	2.10	1	1
1:A:395:GLY:O	1:A:398:GLU:N	0.47	2.48	2	2
1:A:436:ARG:CB	1:A:496:CYS:O	0.47	2.63	4	1
1:A:622:ASP:C	1:A:624:HIS:H	0.47	2.12	4	1
1:A:100:VAL:HG22	1:A:442:ALA:HB1	0.47	1.85	6	1
1:A:252:ASP:N	1:A:252:ASP:OD1	0.47	2.48	7	1
1:A:604:LEU:HD11	1:A:660:LEU:CD1	0.47	2.40	8	1
1:A:134:ARG:C	1:A:135:TRP:CD1	0.47	2.88	9	1
1:A:435:LEU:O	1:A:437:SER:N	0.47	2.48	9	1
1:A:95:PRO:O	1:A:436:ARG:NE	0.47	2.43	10	1
1:A:363:ASP:O	1:A:367:THR:OG1	0.47	2.30	10	1
1:A:393:MET:O	1:A:394:HIS:ND1	0.46	2.48	1	1
1:A:137:SER:O	1:A:140:ASP:OD2	0.46	2.33	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:282:ASP:C	1:A:284:ILE:N	0.46	2.68	5	4
1:A:54:LEU:HD13	1:A:54:LEU:O	0.46	2.09	3	1
1:A:123:ASN:ND2	1:A:124:ALA:N	0.46	2.63	3	1
1:A:61:GLN:OE1	1:A:462:HIS:ND1	0.46	2.47	4	1
1:A:377:VAL:O	1:A:378:GLN:HG3	0.46	2.10	4	1
1:A:595:GLU:N	1:A:595:GLU:OE1	0.46	2.48	4	2
1:A:636:ARG:HH12	1:A:712:LEU:CD1	0.46	2.23	4	1
1:A:669:GLN:C	1:A:671:ASN:N	0.46	2.69	10	2
1:A:342:HIS:O	1:A:345:THR:N	0.46	2.41	10	2
1:A:587:TRP:CE3	1:A:591:GLU:CD	0.46	2.89	5	1
1:A:703:GLN:O	1:A:704:PRO:O	0.46	2.33	6	2
1:A:80:ALA:O	1:A:84:PHE:CD1	0.46	2.68	7	1
1:A:406:PHE:CD1	1:A:406:PHE:C	0.46	2.87	7	1
1:A:455:ASP:C	1:A:456:ARG:HE	0.46	2.14	7	1
1:A:340:VAL:O	1:A:341:GLY:O	0.46	2.33	9	1
1:A:599:ASN:N	1:A:599:ASN:HD22	0.46	2.07	9	1
1:A:563:THR:O	1:A:564:GLU:CB	0.46	2.63	10	1
1:A:343:LEU:H	1:A:343:LEU:CD1	0.46	2.23	1	1
1:A:277:ALA:O	1:A:278:VAL:CG2	0.46	2.64	2	1
1:A:293:LEU:CD1	1:A:294:MET:SD	0.46	3.03	2	1
1:A:359:GLU:C	1:A:361:ILE:H	0.46	2.14	2	1
1:A:213:PRO:C	1:A:215:GLN:H	0.46	2.14	3	3
1:A:252:ASP:OD1	1:A:252:ASP:N	0.46	2.48	3	1
1:A:375:LEU:CD1	1:A:415:MET:SD	0.46	3.03	4	1
1:A:583:GLU:OE1	1:A:645:TRP:CZ3	0.46	2.68	4	1
1:A:67:TRP:CD1	1:A:81:TYR:CZ	0.46	3.02	5	1
1:A:329:LEU:O	1:A:330:HIS:O	0.46	2.33	5	3
1:A:370:ILE:N	1:A:370:ILE:HD12	0.46	2.25	5	1
1:A:512:PRO:C	1:A:514:LEU:N	0.46	2.66	9	2
1:A:169:TRP:CE3	1:A:172:ARG:NH2	0.46	2.84	6	1
1:A:169:TRP:CZ3	1:A:172:ARG:NH2	0.46	2.83	6	1
1:A:134:ARG:O	1:A:135:TRP:C	0.46	2.53	9	1
1:A:609:ARG:NE	1:A:670:GLN:OE1	0.46	2.48	9	1
1:A:120:PRO:O	1:A:121:ALA:C	0.46	2.53	10	1
1:A:202:LEU:C	1:A:204:ASN:H	0.46	2.14	6	5
1:A:132:ASN:ND2	1:A:315:ASP:OD1	0.46	2.49	2	1
1:A:265:ILE:O	1:A:265:ILE:HG22	0.46	2.10	2	1
1:A:622:ASP:O	1:A:670:GLN:NE2	0.46	2.48	3	1
1:A:431:THR:O	1:A:432:SER:CB	0.46	2.62	4	2
1:A:406:PHE:CZ	1:A:410:GLU:CD	0.46	2.89	5	1
1:A:634:THR:O	1:A:637:ILE:O	0.46	2.34	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:690:PHE:CD1	1:A:690:PHE:N	0.46	2.79	5	1
1:A:243:ASP:OD1	1:A:243:ASP:O	0.46	2.33	8	2
1:A:249:GLY:C	1:A:251:ASP:N	0.46	2.68	7	1
1:A:583:GLU:O	1:A:584:ASN:O	0.46	2.33	8	1
1:A:116:GLN:C	1:A:116:GLN:OE1	0.46	2.53	1	1
1:A:284:ILE:CG2	1:A:285:LEU:N	0.46	2.78	1	1
1:A:233:ASN:OD1	1:A:234:ASN:ND2	0.46	2.49	2	1
1:A:294:MET:C	1:A:296:GLY:H	0.46	2.14	3	1
1:A:78:LYS:NZ	1:A:82:LYS:CB	0.46	2.78	4	1
1:A:434:ASN:O	1:A:436:ARG:N	0.46	2.49	5	1
1:A:465:MET:SD	1:A:465:MET:C	0.46	2.94	5	1
1:A:587:TRP:CZ3	1:A:591:GLU:OE2	0.46	2.69	5	1
1:A:406:PHE:O	1:A:408:ARG:N	0.46	2.48	10	2
1:A:487:ARG:C	1:A:489:ASN:HD22	0.46	2.14	8	1
1:A:515:MET:O	1:A:518:MET:N	0.46	2.46	8	1
1:A:82:LYS:NZ	1:A:577:LEU:HD21	0.46	2.25	10	1
1:A:123:ASN:HB3	1:A:127:ALA:HB2	0.46	1.88	10	1
1:A:152:GLY:O	1:A:153:ALA:O	0.46	2.33	10	1
1:A:512:PRO:O	1:A:513:ASP:OD1	0.46	2.32	10	1
1:A:16:PHE:O	1:A:20:VAL:HG23	0.46	2.10	1	1
1:A:425:MET:O	1:A:426:ASP:O	0.46	2.33	1	2
1:A:484:ALA:HB1	1:A:572:LEU:HD23	0.46	1.87	2	1
1:A:248:ILE:HD12	1:A:249:GLY:N	0.46	2.26	6	2
1:A:424:ILE:O	1:A:448:PHE:CG	0.46	2.68	3	1
1:A:548:TYR:O	1:A:551:THR:O	0.46	2.34	7	2
1:A:372:LEU:O	1:A:372:LEU:HD23	0.46	2.10	4	1
1:A:451:THR:H	1:A:505:GLY:N	0.46	2.09	4	1
1:A:526:LEU:HA	1:A:530:ALA:HB3	0.46	1.86	4	1
1:A:8:SER:OG	1:A:9:ARG:N	0.46	2.47	5	2
1:A:197:GLN:OE1	1:A:216:PHE:CB	0.46	2.64	5	1
1:A:446:VAL:CG2	1:A:447:ALA:N	0.46	2.68	5	1
1:A:493:GLY:O	1:A:495:PHE:N	0.46	2.48	6	1
1:A:618:SER:OG	1:A:630:GLU:N	0.46	2.42	6	1
1:A:24:VAL:O	1:A:28:THR:N	0.46	2.44	7	1
1:A:375:LEU:CD2	1:A:418:ASN:OD1	0.46	2.63	9	1
1:A:123:ASN:CG	1:A:124:ALA:N	0.46	2.69	10	1
1:A:201:GLN:OE1	1:A:202:LEU:O	0.46	2.33	10	1
1:A:418:ASN:CG	1:A:419:THR:N	0.46	2.68	2	2
1:A:24:VAL:O	1:A:28:THR:CG2	0.46	2.63	2	1
1:A:242:ILE:HD13	1:A:242:ILE:H	0.46	1.71	2	1
1:A:105:ILE:CG2	1:A:110:THR:OG1	0.46	2.64	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:194:VAL:HG21	1:A:199:ARG:HG2	0.46	1.88	3	1
1:A:293:LEU:C	1:A:293:LEU:CD1	0.46	2.74	3	3
1:A:313:LEU:O	1:A:314:ASN:C	0.46	2.53	7	2
1:A:490:VAL:HG13	1:A:494:LEU:HD12	0.46	1.85	3	2
1:A:44:HIS:O	1:A:48:PRO:CD	0.46	2.63	4	2
1:A:564:GLU:C	1:A:566:ASN:N	0.46	2.67	10	2
1:A:25:LEU:N	1:A:26:PRO:HD2	0.46	2.25	5	1
1:A:125:ARG:O	1:A:127:ALA:N	0.46	2.49	5	1
1:A:135:TRP:CE3	1:A:314:ASN:OD1	0.46	2.69	5	1
1:A:153:ALA:HB3	1:A:161:GLN:HE22	0.46	1.70	5	1
1:A:644:ASN:HD22	1:A:644:ASN:H	0.46	1.54	5	1
1:A:276:ALA:CB	1:A:611:VAL:O	0.46	2.63	7	1
1:A:40:ASP:OD1	1:A:40:ASP:N	0.46	2.46	8	1
1:A:347:PRO:O	1:A:348:VAL:HG23	0.46	2.10	10	2
1:A:582:ALA:C	1:A:584:ASN:H	0.46	2.14	9	1
1:A:701:VAL:HG23	1:A:702:LYS:NZ	0.46	2.26	9	1
1:A:549:HIS:C	1:A:551:THR:N	0.46	2.69	10	1
1:A:550:GLN:C	1:A:550:GLN:NE2	0.46	2.69	1	1
1:A:375:LEU:N	1:A:375:LEU:CD2	0.46	2.68	2	1
1:A:416:ALA:CB	1:A:417:PRO:CD	0.46	2.92	3	1
1:A:449:ILE:HG21	1:A:503:GLN:N	0.46	2.25	3	1
1:A:205:GLY:O	1:A:206:LYS:C	0.46	2.54	4	1
1:A:356:GLU:OE2	1:A:356:GLU:O	0.46	2.34	4	1
1:A:526:LEU:O	1:A:529:GLY:N	0.46	2.37	6	2
1:A:653:LYS:CD	1:A:653:LYS:N	0.46	2.79	4	2
1:A:669:GLN:O	1:A:671:ASN:N	0.46	2.48	4	2
1:A:391:PRO:O	1:A:392:LYS:CG	0.46	2.64	5	1
1:A:661:GLU:OE2	1:A:662:ASN:N	0.46	2.49	5	1
1:A:649:GLY:C	1:A:651:LEU:N	0.46	2.68	8	2
1:A:330:HIS:C	1:A:332:ARG:N	0.46	2.69	8	1
1:A:498:LEU:HD22	1:A:499:ARG:H	0.46	1.70	8	1
1:A:279:ASP:C	1:A:281:GLU:N	0.46	2.69	2	2
1:A:357:ILE:N	1:A:358:PRO:HD3	0.46	2.18	1	2
1:A:132:ASN:HD22	1:A:132:ASN:N	0.46	2.08	2	2
1:A:119:VAL:O	1:A:120:PRO:O	0.46	2.32	3	1
1:A:435:LEU:O	1:A:438:CYS:SG	0.46	2.70	3	1
1:A:552:ASN:HD22	1:A:554:GLN:H	0.46	1.53	3	1
1:A:696:LEU:N	1:A:696:LEU:HD22	0.46	2.26	3	1
1:A:278:VAL:O	1:A:717:LEU:HD21	0.46	2.11	4	2
1:A:363:ASP:O	1:A:367:THR:N	0.46	2.39	10	2
1:A:28:THR:OG1	1:A:372:LEU:HD23	0.46	2.10	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:234:ASN:CG	1:A:548:TYR:CE2	0.46	2.89	6	1
1:A:365:VAL:C	1:A:367:THR:N	0.46	2.66	6	1
1:A:506:LYS:NZ	1:A:533:ALA:HB1	0.46	2.25	6	1
1:A:695:ASP:O	1:A:698:PHE:N	0.46	2.49	10	2
1:A:135:TRP:CZ3	1:A:317:ARG:NH2	0.46	2.84	7	1
1:A:249:GLY:C	1:A:251:ASP:H	0.46	2.14	7	1
1:A:711:LEU:CD1	1:A:712:LEU:N	0.46	2.79	7	1
1:A:416:ALA:O	1:A:418:ASN:OD1	0.46	2.34	9	1
1:A:417:PRO:O	1:A:418:ASN:C	0.46	2.53	9	1
1:A:148:ILE:CD1	1:A:166:VAL:HG22	0.46	2.40	10	1
1:A:274:SER:O	1:A:610:TRP:CZ2	0.46	2.69	10	1
1:A:425:MET:O	1:A:427:GLU:N	0.46	2.49	2	1
1:A:7:GLN:HB2	1:A:12:ILE:HD11	0.46	1.88	3	1
1:A:119:VAL:O	1:A:120:PRO:C	0.46	2.54	3	1
1:A:239:GLU:OE2	1:A:317:ARG:NH1	0.46	2.49	3	1
1:A:265:ILE:HD13	1:A:265:ILE:N	0.46	2.25	3	1
1:A:451:THR:O	1:A:451:THR:HG22	0.46	2.10	4	1
1:A:488:ASN:ND2	1:A:492:SER:CB	0.46	2.79	4	1
1:A:96:GLU:O	1:A:436:ARG:NH2	0.46	2.42	5	1
1:A:402:ALA:O	1:A:406:PHE:CB	0.46	2.64	5	1
1:A:7:GLN:O	1:A:8:SER:C	0.46	2.52	6	2
1:A:426:ASP:OD2	1:A:428:GLU:O	0.46	2.34	7	1
1:A:365:VAL:O	1:A:368:GLY:N	0.46	2.45	8	1
1:A:94:GLN:OE1	1:A:95:PRO:O	0.46	2.34	9	1
1:A:337:ILE:O	1:A:389:VAL:HG23	0.46	2.11	9	1
1:A:403:ASN:ND2	1:A:441:GLN:NE2	0.46	2.64	1	1
1:A:116:GLN:O	1:A:535:VAL:HG22	0.46	2.11	2	1
1:A:175:ASP:CG	1:A:184:SER:HG	0.46	2.13	2	1
1:A:272:GLU:N	1:A:272:GLU:CD	0.46	2.69	3	1
1:A:439:ILE:HD12	1:A:498:LEU:CD2	0.46	2.40	3	1
1:A:41:GLU:O	1:A:45:ASP:OD1	0.46	2.35	4	3
1:A:275:VAL:CG2	1:A:276:ALA:N	0.46	2.78	4	1
1:A:367:THR:HG23	1:A:368:GLY:N	0.46	2.25	5	1
1:A:430:ARG:C	1:A:432:SER:N	0.46	2.68	5	1
1:A:383:THR:OG1	1:A:387:TYR:CE2	0.46	2.61	6	1
1:A:464:VAL:C	1:A:466:GLU:N	0.46	2.69	6	1
1:A:147:ILE:O	1:A:147:ILE:HG22	0.46	2.11	9	1
1:A:462:HIS:CD2	1:A:705:ASN:ND2	0.46	2.84	9	1
1:A:102:THR:OG1	1:A:105:ILE:CD1	0.46	2.64	10	1
1:A:131:ALA:C	1:A:133:ALA:H	0.45	2.15	1	1
1:A:366:MET:C	1:A:368:GLY:N	0.45	2.68	1	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:198:LEU:N	1:A:198:LEU:HD12	0.45	2.26	9	4
1:A:394:HIS:NE2	1:A:441:GLN:NE2	0.45	2.64	3	1
1:A:423:GLY:HA2	1:A:448:PHE:HB2	0.45	1.87	3	1
1:A:445:ARG:H	1:A:445:ARG:HD3	0.45	1.71	3	1
1:A:129:ASN:O	1:A:129:ASN:ND2	0.45	2.46	6	1
1:A:688:CYS:O	1:A:690:PHE:N	0.45	2.49	6	1
1:A:691:LYS:O	1:A:693:ALA:N	0.45	2.49	7	1
1:A:108:GLU:OE2	1:A:112:GLN:NE2	0.45	2.49	8	1
1:A:335:LEU:O	1:A:387:TYR:CD1	0.45	2.69	8	1
1:A:570:GLU:OE1	1:A:570:GLU:CA	0.45	2.63	8	1
1:A:714:ALA:O	1:A:716:ARG:N	0.45	2.49	10	1
1:A:106:ASP:O	1:A:107:SER:C	0.45	2.54	5	3
1:A:77:ASP:OD1	1:A:77:ASP:O	0.45	2.34	2	2
1:A:698:PHE:C	1:A:700:GLY:H	0.45	2.14	2	2
1:A:269:LEU:N	1:A:269:LEU:HD23	0.45	2.26	3	1
1:A:412:MET:SD	1:A:412:MET:C	0.45	2.94	3	1
1:A:630:GLU:CG	1:A:634:THR:OG1	0.45	2.64	4	1
1:A:637:ILE:CG2	1:A:638:SER:N	0.45	2.79	4	1
1:A:99:THR:O	1:A:101:GLU:OE1	0.45	2.34	6	1
1:A:338:ARG:HH22	1:A:454:LEU:CD1	0.45	2.24	6	1
1:A:655:GLN:NE2	1:A:656:VAL:N	0.45	2.64	6	1
1:A:16:PHE:CG	1:A:284:ILE:CD1	0.45	2.99	9	1
1:A:191:PHE:CE2	1:A:256:ILE:HD11	0.45	2.46	9	1
1:A:220:ARG:NH2	1:A:318:HIS:O	0.45	2.49	9	1
1:A:701:VAL:HG23	1:A:702:LYS:HZ2	0.45	1.72	9	1
1:A:397:GLN:NE2	1:A:401:PHE:CZ	0.45	2.84	10	1
1:A:583:GLU:C	1:A:585:ALA:N	0.45	2.70	10	1
1:A:459:ASP:O	1:A:460:GLU:C	0.45	2.55	10	2
1:A:178:LEU:HD22	1:A:215:GLN:NE2	0.45	2.26	2	1
1:A:425:MET:SD	1:A:450:ASN:OD1	0.45	2.74	2	1
1:A:228:CYS:SG	1:A:240:LEU:O	0.45	2.70	3	1
1:A:457:THR:C	1:A:459:ASP:N	0.45	2.70	4	2
1:A:234:ASN:CB	1:A:549:HIS:CD2	0.45	2.99	6	1
1:A:270:ASP:HB3	1:A:274:SER:H	0.45	1.71	6	1
1:A:343:LEU:C	1:A:345:THR:N	0.45	2.69	6	1
1:A:493:GLY:C	1:A:495:PHE:N	0.45	2.69	6	1
1:A:35:PHE:C	1:A:37:ARG:N	0.45	2.69	7	1
1:A:134:ARG:NE	1:A:330:HIS:O	0.45	2.47	7	1
1:A:341:GLY:O	1:A:343:LEU:N	0.45	2.49	7	1
1:A:341:GLY:C	1:A:343:LEU:N	0.45	2.70	7	1
1:A:67:TRP:O	1:A:68:HIS:C	0.45	2.53	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:152:GLY:O	1:A:153:ALA:C	0.45	2.54	10	1
1:A:411:THR:CG2	1:A:412:MET:N	0.45	2.80	10	1
1:A:427:GLU:OE2	1:A:493:GLY:CA	0.45	2.64	10	1
1:A:550:GLN:O	1:A:550:GLN:CG	0.45	2.65	10	1
1:A:583:GLU:O	1:A:585:ALA:N	0.45	2.49	10	1
1:A:455:ASP:C	1:A:457:THR:N	0.45	2.68	8	3
1:A:279:ASP:CG	1:A:280:ALA:N	0.45	2.70	5	1
1:A:448:PHE:O	1:A:448:PHE:CD1	0.45	2.70	5	1
1:A:53:LEU:HD23	1:A:53:LEU:O	0.45	2.11	6	1
1:A:563:THR:CG2	1:A:564:GLU:N	0.45	2.77	8	2
1:A:612:GLU:OE1	1:A:612:GLU:CA	0.45	2.64	7	1
1:A:151:GLU:OE1	1:A:619:LYS:NZ	0.45	2.48	8	1
1:A:428:GLU:O	1:A:428:GLU:OE1	0.45	2.35	8	1
1:A:149:PRO:O	1:A:150:GLN:O	0.45	2.35	9	1
1:A:582:ALA:O	1:A:584:ASN:N	0.45	2.49	9	1
1:A:125:ARG:H	1:A:125:ARG:NE	0.45	2.08	1	1
1:A:393:MET:CB	1:A:438:CYS:SG	0.45	3.05	1	1
1:A:150:GLN:OE1	1:A:627:ALA:CB	0.45	2.65	2	1
1:A:179:PRO:O	1:A:180:LEU:O	0.45	2.34	8	2
1:A:496:CYS:O	1:A:497:GLY:C	0.45	2.55	2	2
1:A:498:LEU:CB	1:A:502:ALA:HB2	0.45	2.41	2	1
1:A:421:LYS:HB3	1:A:447:ALA:HB3	0.45	1.89	3	1
1:A:504:ILE:HD12	1:A:504:ILE:N	0.45	2.25	3	1
1:A:636:ARG:NE	1:A:708:THR:OG1	0.45	2.50	3	1
1:A:270:ASP:O	1:A:338:ARG:O	0.45	2.34	4	1
1:A:431:THR:O	1:A:432:SER:O	0.45	2.35	5	1
1:A:485:TYR:CE1	1:A:489:ASN:ND2	0.45	2.85	5	1
1:A:166:VAL:O	1:A:170:VAL:HG23	0.45	2.12	6	1
1:A:517:ASP:O	1:A:520:SER:N	0.45	2.48	6	1
1:A:687:SER:O	1:A:689:ALA:N	0.45	2.50	6	1
1:A:57:ARG:HH11	1:A:392:LYS:NZ	0.45	2.10	7	1
1:A:456:ARG:N	1:A:456:ARG:CD	0.45	2.79	7	1
1:A:397:GLN:CD	1:A:397:GLN:N	0.45	2.69	8	1
1:A:496:CYS:O	1:A:498:LEU:HD13	0.45	2.12	8	1
1:A:539:THR:O	1:A:543:LEU:CD1	0.45	2.65	8	1
1:A:637:ILE:O	1:A:637:ILE:CG2	0.45	2.63	8	1
1:A:659:SER:O	1:A:663:MET:CE	0.45	2.64	8	1
1:A:449:ILE:HG21	1:A:502:ALA:CB	0.45	2.40	9	1
1:A:527:ARG:CD	1:A:527:ARG:N	0.45	2.79	9	1
1:A:594:GLN:OE1	1:A:594:GLN:CA	0.45	2.65	9	1
1:A:282:ASP:O	1:A:283:LYS:C	0.45	2.54	4	7

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:425:MET:O	1:A:427:GLU:OE2	0.45	2.33	2	1
1:A:177:SER:OG	1:A:549:HIS:ND1	0.45	2.41	3	1
1:A:219:TYR:O	1:A:320:THR:CB	0.45	2.65	3	1
1:A:601:GLN:OE1	1:A:601:GLN:O	0.45	2.34	3	1
1:A:147:ILE:HD12	1:A:543:LEU:HD11	0.45	1.88	4	1
1:A:297:THR:O	1:A:297:THR:HG22	0.45	2.12	6	1
1:A:451:THR:OG1	1:A:452:GLY:N	0.45	2.50	6	1
1:A:498:LEU:CD1	1:A:498:LEU:H	0.45	2.21	6	1
1:A:293:LEU:HD13	1:A:293:LEU:O	0.45	2.11	7	1
1:A:632:ARG:HH11	1:A:632:ARG:CG	0.45	2.23	7	1
1:A:249:GLY:O	1:A:252:ASP:O	0.45	2.35	10	2
1:A:330:HIS:C	1:A:332:ARG:H	0.45	2.14	8	1
1:A:520:SER:O	1:A:524:ASP:OD2	0.45	2.35	8	1
1:A:37:ARG:O	1:A:41:GLU:OE1	0.45	2.35	9	1
1:A:393:MET:SD	1:A:393:MET:C	0.45	2.95	9	2
1:A:283:LYS:NZ	1:A:348:VAL:HG22	0.45	2.27	10	1
1:A:491:LEU:C	1:A:493:GLY:N	0.45	2.68	10	1
1:A:143:TYR:CD1	1:A:144:GLY:N	0.45	2.85	2	2
1:A:539:THR:C	1:A:541:ALA:N	0.45	2.70	1	1
1:A:61:GLN:O	1:A:65:ASP:OD1	0.45	2.34	2	2
1:A:710:PRO:O	1:A:714:ALA:CB	0.45	2.64	3	3
1:A:721:GLU:O	1:A:723:HIS:N	0.45	2.49	2	1
1:A:441:GLN:C	1:A:441:GLN:NE2	0.45	2.70	4	1
1:A:622:ASP:O	1:A:624:HIS:N	0.45	2.44	4	1
1:A:421:LYS:O	1:A:422:MET:CG	0.45	2.64	5	2
1:A:500:GLY:O	1:A:557:GLN:OE1	0.45	2.34	5	1
1:A:719:GLU:O	1:A:723:HIS:N	0.45	2.50	6	1
1:A:38:ASN:HD21	1:A:412:MET:CB	0.45	2.24	7	1
1:A:344:MET:SD	1:A:713:HIS:ND1	0.45	2.89	7	1
1:A:518:MET:SD	1:A:522:LYS:CE	0.45	3.05	7	1
1:A:276:ALA:HB2	1:A:709:GLU:OE2	0.45	2.10	9	1
1:A:600:VAL:CG2	1:A:601:GLN:H	0.45	2.24	9	1
1:A:695:ASP:O	1:A:699:LEU:N	0.45	2.36	9	1
1:A:112:GLN:NE2	1:A:113:ALA:CA	0.45	2.79	10	1
1:A:219:TYR:CD2	1:A:220:ARG:N	0.45	2.85	3	1
1:A:379:LYS:O	1:A:380:ASN:OD1	0.45	2.35	3	1
1:A:133:ALA:O	1:A:135:TRP:N	0.45	2.50	4	1
1:A:465:MET:O	1:A:467:ALA:N	0.45	2.50	7	2
1:A:297:THR:CG2	1:A:332:ARG:NH2	0.45	2.80	5	1
1:A:699:LEU:CD2	1:A:699:LEU:N	0.45	2.79	5	1
1:A:456:ARG:O	1:A:458:GLY:N	0.45	2.50	8	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:65:ASP:OD2	1:A:69:ARG:NE	0.45	2.49	10	1
1:A:44:HIS:O	1:A:48:PRO:CG	0.45	2.65	1	1
1:A:176:GLU:N	1:A:176:GLU:CD	0.45	2.71	1	2
1:A:273:ASP:O	1:A:274:SER:OG	0.45	2.34	1	1
1:A:624:HIS:O	1:A:626:VAL:N	0.45	2.50	1	2
1:A:624:HIS:C	1:A:626:VAL:N	0.45	2.70	1	2
1:A:524:ASP:OD2	1:A:527:ARG:NH1	0.45	2.42	2	1
1:A:385:SER:O	1:A:387:TYR:CE1	0.45	2.70	3	1
1:A:130:ALA:O	1:A:133:ALA:N	0.45	2.42	9	3
1:A:234:ASN:OD1	1:A:549:HIS:O	0.45	2.35	5	1
1:A:357:ILE:O	1:A:357:ILE:CG1	0.45	2.64	6	1
1:A:110:THR:O	1:A:111:SER:OG	0.45	2.35	7	1
1:A:270:ASP:OD1	1:A:271:CYS:N	0.45	2.50	7	1
1:A:273:ASP:O	1:A:632:ARG:NE	0.45	2.49	7	1
1:A:230:LEU:C	1:A:230:LEU:CD1	0.45	2.81	10	1
1:A:340:VAL:HG21	1:A:345:THR:OG1	0.45	2.11	10	1
1:A:434:ASN:C	1:A:436:ARG:N	0.45	2.70	5	2
1:A:587:TRP:CH2	1:A:645:TRP:CH2	0.45	3.05	2	1
1:A:117:LEU:HD23	1:A:118:VAL:O	0.45	2.12	3	1
1:A:498:LEU:O	1:A:499:ARG:HB2	0.45	2.10	3	1
1:A:591:GLU:O	1:A:595:GLU:OE1	0.45	2.34	4	3
1:A:40:ASP:O	1:A:44:HIS:CD2	0.45	2.70	4	1
1:A:105:ILE:C	1:A:105:ILE:HD12	0.45	2.32	4	1
1:A:367:THR:O	1:A:369:ALA:N	0.45	2.50	6	1
1:A:508:MET:SD	1:A:534:TRP:CE3	0.45	3.10	6	1
1:A:19:PHE:HB2	1:A:284:ILE:HD11	0.45	1.88	7	1
1:A:641:HIS:O	1:A:642:ILE:C	0.45	2.55	7	1
1:A:212:THR:O	1:A:212:THR:OG1	0.45	2.31	8	1
1:A:336:PHE:CE1	1:A:389:VAL:HG22	0.45	2.47	9	1
1:A:129:ASN:N	1:A:129:ASN:HD22	0.45	2.09	10	1
1:A:459:ASP:O	1:A:461:MET:N	0.45	2.50	10	1
1:A:285:LEU:HD23	1:A:285:LEU:O	0.44	2.12	1	1
1:A:532:THR:HG22	1:A:533:ALA:N	0.44	2.27	1	1
1:A:600:VAL:O	1:A:601:GLN:C	0.44	2.55	1	4
1:A:238:ILE:HG23	1:A:261:VAL:HG12	0.44	1.88	7	2
1:A:150:GLN:NE2	1:A:162:ARG:NE	0.44	2.65	3	1
1:A:439:ILE:O	1:A:440:ALA:C	0.44	2.55	8	5
1:A:451:THR:HG21	1:A:534:TRP:HB3	0.44	1.88	4	1
1:A:531:ASN:ND2	1:A:532:THR:HG23	0.44	2.27	4	1
1:A:546:LEU:HD12	1:A:546:LEU:N	0.44	2.27	5	1
1:A:134:ARG:HE	1:A:332:ARG:C	0.44	2.15	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:162:ARG:HH21	1:A:165:GLN:NE2	0.44	2.10	6	1
1:A:705:ASN:ND2	1:A:706:GLY:N	0.44	2.65	6	1
1:A:19:PHE:O	1:A:23:GLU:CB	0.44	2.65	8	2
1:A:54:LEU:CD2	1:A:342:HIS:CE1	0.44	3.00	8	1
1:A:524:ASP:OD1	1:A:525:GLN:N	0.44	2.50	8	1
1:A:334:LEU:HD12	1:A:382:ARG:HH21	0.44	1.70	10	1
1:A:511:MET:H	1:A:512:PRO:HD3	0.44	1.72	1	1
1:A:36:TRP:O	1:A:36:TRP:CD1	0.44	2.71	2	1
1:A:53:LEU:N	1:A:53:LEU:CD1	0.44	2.79	2	1
1:A:137:SER:OG	1:A:140:ASP:OD2	0.44	2.35	8	2
1:A:452:GLY:O	1:A:453:PHE:CB	0.44	2.64	2	1
1:A:547:HIS:O	1:A:547:HIS:CD2	0.44	2.71	3	1
1:A:78:LYS:HZ3	1:A:82:LYS:HB2	0.44	1.72	4	1
1:A:417:PRO:O	1:A:418:ASN:OD1	0.44	2.36	4	1
1:A:465:MET:C	1:A:467:ALA:N	0.44	2.70	7	2
1:A:625:ASN:O	1:A:626:VAL:O	0.44	2.35	4	2
1:A:17:LYS:O	1:A:21:ASP:OD1	0.44	2.35	5	1
1:A:121:ALA:HB2	1:A:270:ASP:O	0.44	2.12	6	1
1:A:184:SER:OG	1:A:187:ASP:OD2	0.44	2.35	10	2
1:A:202:LEU:HD11	1:A:208:THR:HG21	0.44	1.88	7	1
1:A:436:ARG:CD	1:A:436:ARG:N	0.44	2.80	9	1
1:A:452:GLY:N	1:A:505:GLY:O	0.44	2.49	9	1
1:A:563:THR:O	1:A:564:GLU:HB3	0.44	2.12	10	1
1:A:35:PHE:O	1:A:39:PHE:CB	0.44	2.65	1	1
1:A:314:ASN:O	1:A:314:ASN:ND2	0.44	2.49	1	1
1:A:330:HIS:NE2	1:A:334:LEU:HD12	0.44	2.27	1	1
1:A:31:ASP:N	1:A:31:ASP:OD1	0.44	2.50	2	1
1:A:28:THR:C	1:A:30:LEU:N	0.44	2.69	3	2
1:A:32:ALA:O	1:A:36:TRP:N	0.44	2.50	3	1
1:A:695:ASP:OD2	1:A:715:TRP:CE2	0.44	2.71	3	1
1:A:52:GLN:O	1:A:56:GLU:OE1	0.44	2.35	5	2
1:A:219:TYR:O	1:A:320:THR:OG1	0.44	2.36	6	1
1:A:233:ASN:O	1:A:549:HIS:CE1	0.44	2.70	6	1
1:A:427:GLU:O	1:A:428:GLU:O	0.44	2.35	6	1
1:A:565:PHE:C	1:A:567:ALA:H	0.44	2.16	6	2
1:A:190:ALA:C	1:A:191:PHE:CG	0.44	2.89	8	1
1:A:662:ASN:H	1:A:662:ASN:ND2	0.44	2.10	9	1
1:A:294:MET:CG	1:A:370:ILE:HD12	0.44	2.42	10	1
1:A:333:SER:C	1:A:382:ARG:HH22	0.44	2.16	10	1
1:A:340:VAL:HG22	1:A:341:GLY:H	0.44	1.72	10	1
1:A:586:ASN:HD22	1:A:586:ASN:H	0.44	1.54	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:644:ASN:OD1	1:A:644:ASN:N	0.44	2.49	10	1
1:A:658:ALA:O	1:A:661:GLU:OE2	0.44	2.34	10	1
1:A:57:ARG:HE	1:A:57:ARG:H	0.44	1.53	1	1
1:A:319:TYR:O	1:A:326:GLU:OE2	0.44	2.35	1	1
1:A:337:ILE:CG2	1:A:338:ARG:N	0.44	2.80	1	1
1:A:343:LEU:N	1:A:343:LEU:CD1	0.44	2.80	1	1
1:A:426:ASP:OD1	1:A:426:ASP:N	0.44	2.50	2	1
1:A:584:ASN:CG	1:A:585:ALA:H	0.44	2.16	2	1
1:A:67:TRP:O	1:A:71:ASN:OD1	0.44	2.36	3	1
1:A:297:THR:O	1:A:297:THR:OG1	0.44	2.36	4	2
1:A:542:THR:HG23	1:A:543:LEU:N	0.44	2.26	4	2
1:A:663:MET:O	1:A:664:ALA:C	0.44	2.56	9	4
1:A:623:ILE:HD13	1:A:623:ILE:H	0.44	1.73	5	1
1:A:665:LYS:O	1:A:669:GLN:CB	0.44	2.65	5	1
1:A:250:LYS:NZ	1:A:250:LYS:CB	0.44	2.80	7	1
1:A:533:ALA:CB	1:A:544:HIS:CE1	0.44	2.99	7	1
1:A:430:ARG:NH2	1:A:463:SER:OG	0.44	2.50	10	1
1:A:655:GLN:O	1:A:655:GLN:NE2	0.44	2.50	10	1
1:A:245:ASN:O	1:A:245:ASN:ND2	0.44	2.50	1	2
1:A:286:LEU:HD23	1:A:286:LEU:C	0.44	2.33	1	1
1:A:315:ASP:O	1:A:316:ASP:C	0.44	2.56	1	1
1:A:429:ARG:NH1	1:A:460:GLU:OE2	0.44	2.51	1	1
1:A:65:ASP:OD1	1:A:65:ASP:N	0.44	2.50	2	1
1:A:481:TRP:CG	1:A:578:THR:HG21	0.44	2.48	2	1
1:A:118:VAL:CG2	1:A:534:TRP:HE1	0.44	2.25	10	2
1:A:108:GLU:CG	1:A:109:ILE:N	0.44	2.81	6	2
1:A:622:ASP:OD1	1:A:622:ASP:N	0.44	2.48	8	2
1:A:198:LEU:HD21	1:A:229:ILE:HD11	0.44	1.89	6	1
1:A:584:ASN:ND2	1:A:584:ASN:N	0.44	2.64	6	1
1:A:115:PRO:HG2	1:A:545:ALA:HB2	0.44	1.89	8	1
1:A:132:ASN:OD1	1:A:332:ARG:NE	0.44	2.50	8	1
1:A:215:GLN:OE1	1:A:232:LYS:O	0.44	2.36	8	1
1:A:94:GLN:O	1:A:95:PRO:O	0.44	2.35	9	1
1:A:105:ILE:C	1:A:107:SER:N	0.44	2.71	9	1
1:A:713:HIS:CD2	1:A:714:ALA:N	0.44	2.85	9	1
1:A:104:GLY:O	1:A:105:ILE:C	0.44	2.56	10	1
1:A:189:VAL:O	1:A:255:HIS:ND1	0.44	2.50	1	1
1:A:391:PRO:C	1:A:393:MET:N	0.44	2.70	1	1
1:A:424:ILE:HG22	1:A:424:ILE:O	0.44	2.12	1	1
1:A:427:GLU:N	1:A:427:GLU:CD	0.44	2.70	1	2
1:A:71:ASN:OD1	1:A:71:ASN:O	0.44	2.35	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:451:THR:OG1	1:A:532:THR:O	0.44	2.36	4	1
1:A:609:ARG:NH1	1:A:617:CYS:O	0.44	2.51	4	1
1:A:103:THR:O	1:A:104:GLY:C	0.44	2.56	5	1
1:A:277:ALA:C	1:A:278:VAL:CG2	0.44	2.86	5	1
1:A:123:ASN:O	1:A:124:ALA:O	0.44	2.36	8	2
1:A:197:GLN:OE1	1:A:198:LEU:O	0.44	2.35	6	1
1:A:358:PRO:O	1:A:361:ILE:CG2	0.44	2.66	6	1
1:A:464:VAL:O	1:A:465:MET:C	0.44	2.54	6	2
1:A:366:MET:O	1:A:369:ALA:N	0.44	2.50	7	1
1:A:517:ASP:OD2	1:A:521:GLN:NE2	0.44	2.51	7	1
1:A:101:GLU:O	1:A:101:GLU:OE1	0.44	2.35	9	1
1:A:560:ILE:O	1:A:563:THR:OG1	0.44	2.31	9	1
1:A:276:ALA:HB1	1:A:713:HIS:NE2	0.44	2.27	1	1
1:A:554:GLN:O	1:A:558:ALA:CB	0.44	2.65	7	2
1:A:703:GLN:OE1	1:A:707:TYR:O	0.44	2.36	8	2
1:A:126:TYR:CD1	1:A:632:ARG:NH2	0.44	2.86	2	1
1:A:394:HIS:CE1	1:A:441:GLN:NE2	0.44	2.86	3	1
1:A:290:LEU:N	1:A:290:LEU:CD1	0.44	2.80	4	1
1:A:361:ILE:O	1:A:362:LEU:C	0.44	2.56	7	3
1:A:375:LEU:HD21	1:A:419:THR:HG21	0.44	1.89	4	1
1:A:272:GLU:OE2	1:A:277:ALA:O	0.44	2.36	6	1
1:A:367:THR:O	1:A:368:GLY:C	0.44	2.56	6	1
1:A:249:GLY:O	1:A:251:ASP:N	0.44	2.50	7	1
1:A:241:GLN:HE22	1:A:243:ASP:CB	0.44	2.25	8	1
1:A:282:ASP:OD1	1:A:283:LYS:N	0.44	2.51	8	1
1:A:291:LEU:HD23	1:A:370:ILE:HG12	0.44	1.90	9	1
1:A:118:VAL:HG23	1:A:534:TRP:CD1	0.44	2.47	10	1
1:A:439:ILE:HG23	1:A:440:ALA:N	0.44	2.27	10	1
1:A:498:LEU:HD22	1:A:502:ALA:HB2	0.44	1.88	1	1
1:A:594:GLN:O	1:A:597:ASP:OD1	0.44	2.36	1	2
1:A:278:VAL:O	1:A:279:ASP:O	0.44	2.35	2	1
1:A:430:ARG:O	1:A:460:GLU:OE1	0.44	2.36	3	1
1:A:433:LEU:C	1:A:433:LEU:CD1	0.44	2.86	3	1
1:A:695:ASP:CG	1:A:715:TRP:CZ2	0.44	2.91	3	1
1:A:461:MET:O	1:A:463:SER:N	0.44	2.50	7	2
1:A:585:ALA:C	1:A:586:ASN:HD22	0.44	2.16	4	1
1:A:114:GLY:O	1:A:116:GLN:OE1	0.44	2.35	5	1
1:A:687:SER:C	1:A:689:ALA:N	0.44	2.72	5	1
1:A:421:LYS:C	1:A:422:MET:SD	0.44	2.96	6	1
1:A:504:ILE:H	1:A:531:ASN:HD22	0.44	1.56	6	1
1:A:711:LEU:HG	1:A:712:LEU:N	0.44	2.28	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:669:GLN:NE2	1:A:669:GLN:C	0.44	2.71	7	1
1:A:213:PRO:O	1:A:216:PHE:CE1	0.44	2.71	8	1
1:A:604:LEU:HD22	1:A:667:VAL:HG21	0.44	1.89	8	1
1:A:337:ILE:O	1:A:389:VAL:N	0.44	2.41	9	1
1:A:96:GLU:C	1:A:436:ARG:HH21	0.44	2.17	10	1
1:A:96:GLU:N	1:A:96:GLU:CD	0.44	2.72	10	1
1:A:572:LEU:O	1:A:576:LEU:CB	0.44	2.66	1	1
1:A:711:LEU:O	1:A:714:ALA:HB3	0.44	2.13	1	1
1:A:123:ASN:C	1:A:125:ARG:N	0.44	2.69	2	1
1:A:494:LEU:HD12	1:A:494:LEU:C	0.44	2.32	4	1
1:A:208:THR:OG1	1:A:209:THR:N	0.44	2.50	5	1
1:A:278:VAL:HG13	1:A:717:LEU:HD21	0.44	1.89	5	1
1:A:442:ALA:C	1:A:444:ASN:N	0.44	2.71	9	2
1:A:661:GLU:OE2	1:A:662:ASN:CA	0.44	2.66	5	1
1:A:444:ASN:HD22	1:A:445:ARG:H	0.44	1.55	6	1
1:A:488:ASN:ND2	1:A:575:ASP:OD2	0.44	2.48	6	1
1:A:38:ASN:OD1	1:A:412:MET:SD	0.44	2.76	7	1
1:A:204:ASN:N	1:A:204:ASN:HD22	0.44	2.11	7	1
1:A:339:ASN:H	1:A:339:ASN:HD22	0.44	1.53	7	1
1:A:506:LYS:O	1:A:530:ALA:HB1	0.44	2.13	7	1
1:A:709:GLU:O	1:A:711:LEU:N	0.44	2.51	8	2
1:A:170:VAL:O	1:A:173:PHE:N	0.44	2.50	8	1
1:A:184:SER:CA	1:A:187:ASP:OD1	0.44	2.66	8	1
1:A:289:ASN:ND2	1:A:297:THR:HG21	0.44	2.28	9	1
1:A:112:GLN:NE2	1:A:114:GLY:N	0.44	2.66	10	1
1:A:428:GLU:O	1:A:460:GLU:OE1	0.44	2.36	10	1
1:A:514:LEU:O	1:A:517:ASP:OD1	0.44	2.36	10	1
1:A:669:GLN:C	1:A:671:ASN:H	0.44	2.16	10	1
1:A:631:ASP:OD1	1:A:631:ASP:N	0.43	2.51	1	1
1:A:111:SER:O	1:A:112:GLN:OE1	0.43	2.36	2	1
1:A:273:ASP:OD1	1:A:274:SER:N	0.43	2.51	2	2
1:A:706:GLY:O	1:A:707:TYR:C	0.43	2.55	3	1
1:A:75:VAL:HG11	1:A:81:TYR:CG	0.43	2.48	4	1
1:A:192:LYS:HZ3	1:A:199:ARG:HE	0.43	1.56	4	1
1:A:61:GLN:OE1	1:A:462:HIS:O	0.43	2.36	5	1
1:A:296:GLY:O	1:A:297:THR:OG1	0.43	2.35	5	1
1:A:460:GLU:OE1	1:A:460:GLU:O	0.43	2.36	5	1
1:A:544:HIS:O	1:A:544:HIS:ND1	0.43	2.51	5	1
1:A:699:LEU:N	1:A:699:LEU:HD22	0.43	2.28	5	1
1:A:112:GLN:OE1	1:A:237:HIS:CE1	0.43	2.71	6	1
1:A:645:TRP:O	1:A:646:LEU:C	0.43	2.56	8	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:351:ASP:N	1:A:351:ASP:OD1	0.43	2.50	7	1
1:A:442:ALA:O	1:A:443:ARG:C	0.43	2.55	7	1
1:A:613:GLN:C	1:A:615:ILE:N	0.43	2.70	7	1
1:A:376:LYS:C	1:A:376:LYS:CD	0.43	2.86	8	1
1:A:452:GLY:O	1:A:485:TYR:OH	0.43	2.36	8	1
1:A:606:TYR:O	1:A:606:TYR:CD1	0.43	2.70	8	1
1:A:698:PHE:O	1:A:701:VAL:HG22	0.43	2.12	9	1
1:A:130:ALA:O	1:A:133:ALA:HB3	0.43	2.13	1	1
1:A:313:LEU:N	1:A:313:LEU:CD1	0.43	2.81	1	1
1:A:371:ALA:O	1:A:372:LEU:C	0.43	2.55	5	2
1:A:614:GLY:O	1:A:615:ILE:HG23	0.43	2.13	8	2
1:A:531:ASN:O	1:A:532:THR:CG2	0.43	2.65	2	1
1:A:705:ASN:C	1:A:707:TYR:N	0.43	2.71	2	1
1:A:721:GLU:C	1:A:723:HIS:N	0.43	2.70	2	1
1:A:28:THR:C	1:A:30:LEU:H	0.43	2.16	10	2
1:A:606:TYR:CZ	1:A:631:ASP:O	0.43	2.71	4	1
1:A:698:PHE:C	1:A:700:GLY:N	0.43	2.71	5	2
1:A:174:LEU:HD21	1:A:259:VAL:HG11	0.43	1.89	5	1
1:A:557:GLN:O	1:A:561:ALA:CB	0.43	2.66	5	1
1:A:606:TYR:CE1	1:A:620:VAL:HG21	0.43	2.47	5	1
1:A:634:THR:HG23	1:A:635:LEU:N	0.43	2.29	5	1
1:A:358:PRO:O	1:A:361:ILE:HG22	0.43	2.13	6	1
1:A:576:LEU:C	1:A:578:THR:H	0.43	2.14	6	2
1:A:625:ASN:O	1:A:626:VAL:C	0.43	2.55	7	1
1:A:711:LEU:O	1:A:715:TRP:N	0.43	2.42	7	1
1:A:519:TYR:O	1:A:519:TYR:CD1	0.43	2.71	8	1
1:A:9:ARG:HE	1:A:9:ARG:C	0.43	2.17	9	1
1:A:152:GLY:O	1:A:153:ALA:HB2	0.43	2.13	9	1
1:A:334:LEU:C	1:A:334:LEU:CD1	0.43	2.84	9	1
1:A:53:LEU:O	1:A:394:HIS:CE1	0.43	2.71	10	1
1:A:61:GLN:O	1:A:65:ASP:CB	0.43	2.66	1	1
1:A:453:PHE:O	1:A:507:GLY:O	0.43	2.37	1	1
1:A:176:GLU:OE1	1:A:550:GLN:OE1	0.43	2.36	2	1
1:A:279:ASP:OD1	1:A:347:PRO:O	0.43	2.36	2	1
1:A:38:ASN:C	1:A:38:ASN:HD22	0.43	2.17	4	1
1:A:143:TYR:OH	1:A:159:ASP:O	0.43	2.36	4	1
1:A:597:ASP:OD2	1:A:663:MET:SD	0.43	2.77	4	1
1:A:197:GLN:CD	1:A:198:LEU:H	0.43	2.15	5	1
1:A:641:HIS:O	1:A:645:TRP:CD1	0.43	2.71	5	2
1:A:142:LEU:CD2	1:A:147:ILE:HG21	0.43	2.43	6	1
1:A:53:LEU:HD12	1:A:54:LEU:N	0.43	2.27	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:380:ASN:ND2	1:A:382:ARG:HH21	0.43	2.11	7	1
1:A:450:ASN:O	1:A:451:THR:C	0.43	2.55	7	1
1:A:601:GLN:OE1	1:A:663:MET:SD	0.43	2.76	7	1
1:A:624:HIS:ND1	1:A:624:HIS:N	0.43	2.64	7	1
1:A:35:PHE:CD1	1:A:35:PHE:C	0.43	2.91	9	1
1:A:293:LEU:O	1:A:293:LEU:CD1	0.43	2.66	9	1
1:A:524:ASP:O	1:A:526:LEU:N	0.43	2.51	9	1
1:A:622:ASP:OD2	1:A:628:LEU:HD23	0.43	2.12	10	1
1:A:211:ARG:C	1:A:212:THR:OG1	0.43	2.55	1	1
1:A:422:MET:N	1:A:446:VAL:O	0.43	2.37	1	1
1:A:129:ASN:C	1:A:129:ASN:ND2	0.43	2.72	2	1
1:A:140:ASP:C	1:A:140:ASP:OD1	0.43	2.56	2	1
1:A:431:THR:C	1:A:433:LEU:H	0.43	2.17	2	1
1:A:94:GLN:C	1:A:96:GLU:N	0.43	2.72	3	1
1:A:374:ASP:CG	1:A:384:GLY:O	0.43	2.56	3	1
1:A:386:VAL:O	1:A:421:LYS:N	0.43	2.50	3	1
1:A:410:GLU:C	1:A:410:GLU:OE1	0.43	2.57	4	1
1:A:534:TRP:CD1	1:A:534:TRP:C	0.43	2.88	4	1
1:A:587:TRP:CD1	1:A:588:SER:N	0.43	2.86	4	1
1:A:104:GLY:O	1:A:105:ILE:CD1	0.43	2.66	5	1
1:A:135:TRP:CZ3	1:A:314:ASN:OD1	0.43	2.72	5	1
1:A:212:THR:OG1	1:A:215:GLN:NE2	0.43	2.51	6	1
1:A:268:ILE:N	1:A:268:ILE:CD1	0.43	2.78	6	1
1:A:630:GLU:OE1	1:A:634:THR:HG22	0.43	2.13	6	1
1:A:298:LEU:CD1	1:A:298:LEU:N	0.43	2.81	7	1
1:A:402:ALA:CB	1:A:445:ARG:NH2	0.43	2.81	7	1
1:A:632:ARG:CG	1:A:632:ARG:NH1	0.43	2.77	7	1
1:A:169:TRP:O	1:A:173:PHE:CD1	0.43	2.72	8	1
1:A:184:SER:OG	1:A:187:ASP:OD1	0.43	2.35	8	1
1:A:129:ASN:ND2	1:A:134:ARG:NE	0.43	2.67	9	1
1:A:129:ASN:CG	1:A:134:ARG:HE	0.43	2.17	9	1
1:A:436:ARG:CA	1:A:436:ARG:HE	0.43	2.26	9	1
1:A:695:ASP:O	1:A:696:LEU:C	0.43	2.56	9	1
1:A:61:GLN:HE22	1:A:430:ARG:NH2	0.43	2.12	10	1
1:A:199:ARG:NH2	1:A:207:GLU:OE2	0.43	2.43	10	1
1:A:216:PHE:CD1	1:A:216:PHE:C	0.43	2.92	10	1
1:A:351:ASP:OD2	1:A:355:ASN:OD1	0.43	2.36	10	1
1:A:330:HIS:HD1	1:A:331:GLY:N	0.43	2.11	1	1
1:A:336:PHE:CD2	1:A:387:TYR:CB	0.43	3.01	1	1
1:A:53:LEU:CD1	1:A:53:LEU:H	0.43	2.27	2	1
1:A:269:LEU:C	1:A:270:ASP:OD2	0.43	2.57	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:321:ALA:HB2	1:A:327:ILE:CD1	0.43	2.43	2	1
1:A:456:ARG:C	1:A:458:GLY:N	0.43	2.72	8	2
1:A:565:PHE:O	1:A:568:GLU:OE1	0.43	2.37	2	1
1:A:175:ASP:CG	1:A:176:GLU:N	0.43	2.71	3	1
1:A:192:LYS:O	1:A:198:LEU:HA	0.43	2.13	3	3
1:A:298:LEU:CD1	1:A:298:LEU:H	0.43	2.27	3	1
1:A:148:ILE:HG23	1:A:148:ILE:O	0.43	2.12	4	1
1:A:294:MET:CE	1:A:374:ASP:OD2	0.43	2.67	4	1
1:A:358:PRO:O	1:A:359:GLU:OE1	0.43	2.36	4	1
1:A:451:THR:OG1	1:A:505:GLY:O	0.43	2.33	5	1
1:A:557:GLN:O	1:A:561:ALA:N	0.43	2.49	5	1
1:A:108:GLU:OE1	1:A:112:GLN:OE1	0.43	2.36	9	1
1:A:458:GLY:C	1:A:460:GLU:N	0.43	2.71	9	1
1:A:609:ARG:O	1:A:613:GLN:CB	0.43	2.66	9	1
1:A:717:LEU:O	1:A:721:GLU:CB	0.43	2.65	10	1
1:A:170:VAL:O	1:A:172:ARG:N	0.43	2.51	1	1
1:A:330:HIS:CD2	1:A:332:ARG:O	0.43	2.72	1	1
1:A:586:ASN:OD1	1:A:586:ASN:O	0.43	2.37	2	1
1:A:632:ARG:O	1:A:634:THR:N	0.43	2.51	2	1
1:A:374:ASP:O	1:A:377:VAL:HG22	0.43	2.12	3	1
1:A:513:ASP:OD1	1:A:514:LEU:N	0.43	2.51	4	1
1:A:562:GLN:O	1:A:563:THR:CB	0.43	2.65	4	1
1:A:703:GLN:CD	1:A:703:GLN:O	0.43	2.56	5	1
1:A:108:GLU:CG	1:A:109:ILE:H	0.43	2.25	6	1
1:A:267:THR:C	1:A:268:ILE:HD13	0.43	2.34	6	1
1:A:488:ASN:O	1:A:489:ASN:C	0.43	2.55	6	2
1:A:494:LEU:C	1:A:496:CYS:N	0.43	2.69	8	2
1:A:641:HIS:O	1:A:644:ASN:N	0.43	2.52	7	1
1:A:110:THR:O	1:A:501:LYS:NZ	0.43	2.51	8	1
1:A:321:ALA:O	1:A:324:GLY:N	0.43	2.51	9	1
1:A:404:LYS:O	1:A:407:THR:OG1	0.43	2.37	9	1
1:A:530:ALA:C	1:A:553:VAL:CG1	0.43	2.87	10	1
1:A:541:ALA:C	1:A:543:LEU:N	0.43	2.71	10	1
1:A:714:ALA:C	1:A:716:ARG:N	0.43	2.72	10	1
1:A:47:ALA:HB1	1:A:355:ASN:ND2	0.43	2.27	1	1
1:A:182:ASN:ND2	1:A:207:GLU:O	0.43	2.51	1	1
1:A:403:ASN:ND2	1:A:443:ARG:CD	0.43	2.81	2	1
1:A:172:ARG:O	1:A:175:ASP:OD2	0.43	2.36	3	1
1:A:24:VAL:O	1:A:28:THR:CB	0.43	2.66	4	2
1:A:488:ASN:ND2	1:A:492:SER:H	0.43	2.12	4	1
1:A:501:LYS:O	1:A:502:ALA:HB2	0.43	2.13	10	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:571:PRO:O	1:A:575:ASP:OD2	0.43	2.37	5	1
1:A:703:GLN:OE1	1:A:708:THR:HG22	0.43	2.14	5	1
1:A:394:HIS:O	1:A:395:GLY:O	0.43	2.37	6	1
1:A:55:ALA:O	1:A:58:ASP:OD1	0.43	2.36	7	1
1:A:600:VAL:C	1:A:602:GLY:N	0.43	2.70	7	1
1:A:613:GLN:C	1:A:615:ILE:H	0.43	2.17	7	1
1:A:171:ARG:O	1:A:175:ASP:OD1	0.43	2.35	8	1
1:A:19:PHE:O	1:A:23:GLU:N	0.43	2.52	9	1
1:A:340:VAL:O	1:A:340:VAL:HG13	0.43	2.12	9	1
1:A:622:ASP:CG	1:A:623:ILE:H	0.43	2.16	9	1
1:A:557:GLN:HE21	1:A:560:ILE:HD11	0.43	1.74	10	1
1:A:691:LYS:O	1:A:695:ASP:OD1	0.43	2.37	10	1
1:A:18:ARG:O	1:A:22:GLU:CB	0.43	2.67	5	2
1:A:182:ASN:OD1	1:A:208:THR:OG1	0.43	2.35	1	1
1:A:513:ASP:C	1:A:514:LEU:HD22	0.43	2.34	1	1
1:A:315:ASP:CG	1:A:332:ARG:NH1	0.43	2.72	2	1
1:A:568:GLU:N	1:A:568:GLU:CD	0.43	2.72	2	1
1:A:710:PRO:O	1:A:714:ALA:HB2	0.43	2.14	5	2
1:A:247:ARG:O	1:A:249:GLY:N	0.43	2.52	4	1
1:A:153:ALA:HB3	1:A:161:GLN:NE2	0.43	2.28	5	1
1:A:161:GLN:HE21	1:A:161:GLN:C	0.43	2.17	6	1
1:A:271:CYS:SG	1:A:338:ARG:O	0.43	2.70	6	1
1:A:464:VAL:O	1:A:467:ALA:N	0.43	2.52	6	1
1:A:262:GLU:OE2	1:A:262:GLU:O	0.43	2.36	7	1
1:A:641:HIS:O	1:A:643:ALA:N	0.43	2.52	7	1
1:A:273:ASP:O	1:A:632:ARG:CD	0.43	2.66	10	1
1:A:583:GLU:C	1:A:585:ALA:H	0.43	2.17	10	1
1:A:143:TYR:CD1	1:A:143:TYR:C	0.43	2.91	10	3
1:A:239:GLU:N	1:A:239:GLU:CD	0.43	2.72	1	1
1:A:391:PRO:C	1:A:393:MET:H	0.43	2.17	1	1
1:A:656:VAL:O	1:A:657:GLN:C	0.43	2.56	1	1
1:A:671:ASN:OD1	1:A:671:ASN:O	0.43	2.36	1	1
1:A:26:PRO:C	1:A:28:THR:N	0.43	2.72	2	1
1:A:133:ALA:C	1:A:135:TRP:N	0.43	2.71	4	1
1:A:511:MET:O	1:A:515:MET:SD	0.43	2.77	4	1
1:A:108:GLU:CD	1:A:109:ILE:H	0.43	2.16	6	1
1:A:294:MET:SD	1:A:373:TYR:CB	0.43	3.06	6	1
1:A:362:LEU:O	1:A:363:ASP:C	0.43	2.56	7	1
1:A:330:HIS:O	1:A:332:ARG:N	0.43	2.51	8	1
1:A:554:GLN:NE2	1:A:557:GLN:NE2	0.43	2.66	8	1
1:A:606:TYR:CD1	1:A:606:TYR:C	0.43	2.92	9	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:189:VAL:O	1:A:254:ALA:O	0.43	2.37	9	1
1:A:359:GLU:OE2	1:A:360:GLY:O	0.43	2.37	9	1
1:A:451:THR:O	1:A:452:GLY:O	0.43	2.36	9	1
1:A:102:THR:HG22	1:A:103:THR:N	0.43	2.28	1	1
1:A:109:ILE:HD11	1:A:448:PHE:CE2	0.43	2.49	1	1
1:A:450:ASN:ND2	1:A:450:ASN:O	0.43	2.52	1	1
1:A:584:ASN:O	1:A:585:ALA:C	0.43	2.56	3	1
1:A:709:GLU:OE1	1:A:713:HIS:ND1	0.43	2.52	3	1
1:A:313:LEU:H	1:A:313:LEU:HD23	0.43	1.73	5	2
1:A:408:ARG:O	1:A:411:THR:HG22	0.43	2.14	5	1
1:A:522:LYS:NZ	1:A:544:HIS:CG	0.43	2.87	5	1
1:A:654:GLU:O	1:A:658:ALA:N	0.43	2.37	5	1
1:A:314:ASN:OD1	1:A:314:ASN:N	0.43	2.51	9	1
1:A:510:ALA:O	1:A:513:ASP:OD1	0.43	2.37	9	1
1:A:129:ASN:O	1:A:133:ALA:O	0.43	2.36	10	1
1:A:407:THR:O	1:A:411:THR:HG22	0.43	2.14	10	1
1:A:548:TYR:O	1:A:551:THR:OG1	0.43	2.28	10	1
1:A:39:PHE:O	1:A:43:VAL:CG2	0.42	2.67	1	3
1:A:358:PRO:O	1:A:359:GLU:C	0.42	2.56	1	1
1:A:703:GLN:NE2	1:A:706:GLY:C	0.42	2.71	1	1
1:A:126:TYR:OH	1:A:617:CYS:SG	0.42	2.77	3	1
1:A:594:GLN:O	1:A:594:GLN:NE2	0.42	2.51	3	1
1:A:647:ARG:N	1:A:647:ARG:NE	0.42	2.64	3	1
1:A:96:GLU:O	1:A:97:ARG:CG	0.42	2.67	4	2
1:A:105:ILE:C	1:A:105:ILE:CD1	0.42	2.87	4	1
1:A:287:TYR:CZ	1:A:370:ILE:HD11	0.42	2.49	4	1
1:A:586:ASN:O	1:A:587:TRP:C	0.42	2.56	4	1
1:A:588:SER:OG	1:A:591:GLU:OE2	0.42	2.36	4	1
1:A:454:LEU:O	1:A:455:ASP:C	0.42	2.58	6	3
1:A:526:LEU:C	1:A:528:ALA:N	0.42	2.72	5	1
1:A:160:PRO:O	1:A:164:GLU:OE2	0.42	2.36	6	1
1:A:163:GLY:O	1:A:167:ILE:CD1	0.42	2.67	6	1
1:A:212:THR:O	1:A:214:ALA:N	0.42	2.52	6	1
1:A:338:ARG:NH2	1:A:454:LEU:HD13	0.42	2.29	6	1
1:A:446:VAL:HG22	1:A:446:VAL:O	0.42	2.13	6	1
1:A:449:ILE:HD13	1:A:496:CYS:SG	0.42	2.54	6	1
1:A:28:THR:O	1:A:369:ALA:O	0.42	2.37	7	1
1:A:137:SER:O	1:A:140:ASP:OD1	0.42	2.37	8	1
1:A:57:ARG:CD	1:A:61:GLN:NE2	0.42	2.82	9	1
1:A:578:THR:O	1:A:578:THR:CG2	0.42	2.67	9	1
1:A:640:GLN:O	1:A:643:ALA:HB3	0.42	2.14	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:39:PHE:CE1	1:A:43:VAL:HG21	0.42	2.49	1	1
1:A:170:VAL:C	1:A:172:ARG:N	0.42	2.72	1	1
1:A:257:ASN:O	1:A:258:ASP:CG	0.42	2.58	5	2
1:A:654:GLU:O	1:A:658:ALA:HB2	0.42	2.14	2	1
1:A:182:ASN:ND2	1:A:183:GLY:N	0.42	2.67	3	1
1:A:658:ALA:O	1:A:662:ASN:OD1	0.42	2.37	3	1
1:A:199:ARG:C	1:A:200:ILE:HD13	0.42	2.33	4	1
1:A:405:LEU:O	1:A:406:PHE:C	0.42	2.57	4	1
1:A:485:TYR:OH	1:A:576:LEU:O	0.42	2.32	4	1
1:A:94:GLN:N	1:A:94:GLN:CD	0.42	2.72	5	1
1:A:485:TYR:O	1:A:487:ARG:N	0.42	2.51	5	1
1:A:628:LEU:HD23	1:A:628:LEU:N	0.42	2.30	5	1
1:A:632:ARG:N	1:A:632:ARG:CD	0.42	2.82	5	1
1:A:492:SER:O	1:A:493:GLY:C	0.42	2.56	6	1
1:A:608:VAL:O	1:A:612:GLU:OE1	0.42	2.35	6	1
1:A:25:LEU:HD13	1:A:29:GLY:O	0.42	2.14	7	1
1:A:272:GLU:O	1:A:272:GLU:OE2	0.42	2.37	8	1
1:A:435:LEU:HD21	1:A:496:CYS:SG	0.42	2.54	8	1
1:A:642:ILE:O	1:A:646:LEU:N	0.42	2.45	2	2
1:A:137:SER:O	1:A:140:ASP:CG	0.42	2.57	2	1
1:A:318:HIS:ND1	1:A:318:HIS:N	0.42	2.67	2	1
1:A:283:LYS:O	1:A:287:TYR:CD1	0.42	2.72	3	1
1:A:297:THR:O	1:A:298:LEU:C	0.42	2.57	3	1
1:A:67:TRP:CZ3	1:A:84:PHE:CZ	0.42	3.08	4	1
1:A:242:ILE:O	1:A:243:ASP:O	0.42	2.37	4	1
1:A:114:GLY:O	1:A:532:THR:OG1	0.42	2.37	5	1
1:A:241:GLN:O	1:A:243:ASP:OD2	0.42	2.37	6	1
1:A:688:CYS:C	1:A:690:PHE:N	0.42	2.72	6	1
1:A:567:ALA:O	1:A:571:PRO:CD	0.42	2.67	7	1
1:A:92:VAL:O	1:A:94:GLN:OE1	0.42	2.37	8	1
1:A:634:THR:O	1:A:638:SER:CB	0.42	2.68	8	1
1:A:401:PHE:CD1	1:A:401:PHE:C	0.42	2.92	9	1
1:A:438:CYS:SG	1:A:439:ILE:N	0.42	2.91	9	1
1:A:710:PRO:O	1:A:711:LEU:C	0.42	2.57	9	1
1:A:116:GLN:NE2	1:A:451:THR:HG21	0.42	2.30	1	1
1:A:127:ALA:O	1:A:131:ALA:HB2	0.42	2.14	2	1
1:A:175:ASP:OD2	1:A:184:SER:OG	0.42	2.36	2	1
1:A:312:LYS:C	1:A:313:LEU:HD22	0.42	2.35	2	1
1:A:571:PRO:O	1:A:575:ASP:OD1	0.42	2.37	3	1
1:A:247:ARG:C	1:A:249:GLY:N	0.42	2.73	4	1
1:A:94:GLN:OE1	1:A:94:GLN:O	0.42	2.37	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:448:PHE:CD1	1:A:448:PHE:C	0.42	2.93	5	1
1:A:406:PHE:C	1:A:408:ARG:N	0.42	2.73	10	2
1:A:435:LEU:O	1:A:436:ARG:C	0.42	2.58	9	2
1:A:105:ILE:O	1:A:106:ASP:CB	0.42	2.67	7	1
1:A:233:ASN:C	1:A:235:GLY:H	0.42	2.17	7	2
1:A:341:GLY:C	1:A:343:LEU:H	0.42	2.17	7	1
1:A:451:THR:CG2	1:A:452:GLY:N	0.42	2.77	7	1
1:A:488:ASN:ND2	1:A:572:LEU:HD13	0.42	2.29	8	1
1:A:461:MET:SD	1:A:462:HIS:ND1	0.42	2.89	9	1
1:A:32:ALA:O	1:A:33:ALA:C	0.42	2.57	10	1
1:A:150:GLN:C	1:A:152:GLY:N	0.42	2.72	10	1
1:A:355:ASN:O	1:A:356:GLU:CG	0.42	2.67	1	1
1:A:524:ASP:O	1:A:525:GLN:C	0.42	2.58	7	6
1:A:138:LEU:HD23	1:A:138:LEU:O	0.42	2.15	2	1
1:A:146:ASP:CG	1:A:146:ASP:O	0.42	2.58	2	1
1:A:175:ASP:OD2	1:A:184:SER:CB	0.42	2.68	2	1
1:A:243:ASP:C	1:A:245:ASN:H	0.42	2.18	2	1
1:A:29:GLY:O	1:A:30:LEU:C	0.42	2.58	3	2
1:A:47:ALA:O	1:A:359:GLU:OE2	0.42	2.38	4	1
1:A:89:GLY:C	1:A:91:LEU:HD12	0.42	2.34	4	1
1:A:293:LEU:CD2	1:A:293:LEU:H	0.42	2.27	5	1
1:A:599:ASN:O	1:A:602:GLY:N	0.42	2.53	6	1
1:A:715:TRP:CZ3	1:A:719:GLU:CD	0.42	2.93	6	1
1:A:128:LEU:HD12	1:A:299:GLN:HB2	0.42	1.92	7	1
1:A:635:LEU:C	1:A:637:ILE:H	0.42	2.18	7	1
1:A:437:SER:O	1:A:441:GLN:OE1	0.42	2.37	8	1
1:A:73:GLY:O	1:A:74:PRO:O	0.42	2.36	10	1
1:A:243:ASP:O	1:A:257:ASN:OD1	0.42	2.37	1	1
1:A:339:ASN:C	1:A:339:ASN:HD22	0.42	2.15	1	1
1:A:290:LEU:O	1:A:291:LEU:C	0.42	2.58	10	2
1:A:465:MET:CE	1:A:705:ASN:ND2	0.42	2.82	5	1
1:A:75:VAL:O	1:A:76:LYS:O	0.42	2.38	6	1
1:A:494:LEU:C	1:A:496:CYS:H	0.42	2.17	6	1
1:A:93:PRO:O	1:A:94:GLN:CD	0.42	2.57	7	1
1:A:405:LEU:CD1	1:A:409:ILE:HG23	0.42	2.45	7	1
1:A:286:LEU:C	1:A:286:LEU:HD23	0.42	2.35	8	1
1:A:323:ASP:OD1	1:A:323:ASP:O	0.42	2.37	8	1
1:A:547:HIS:O	1:A:549:HIS:N	0.42	2.53	8	1
1:A:622:ASP:OD1	1:A:626:VAL:O	0.42	2.38	8	1
1:A:630:GLU:O	1:A:631:ASP:OD1	0.42	2.37	8	1
1:A:385:SER:OG	1:A:420:LEU:CA	0.42	2.68	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:598:ASN:N	1:A:598:ASN:HD22	0.42	2.12	10	1
1:A:374:ASP:OD2	1:A:383:THR:OG1	0.42	2.38	1	1
1:A:641:HIS:CD2	1:A:645:TRP:CE2	0.42	3.07	1	1
1:A:641:HIS:CD2	1:A:645:TRP:CZ2	0.42	3.08	1	1
1:A:159:ASP:OD1	1:A:159:ASP:O	0.42	2.38	2	1
1:A:5:ILE:HG22	1:A:6:THR:N	0.42	2.29	3	1
1:A:332:ARG:NH1	1:A:332:ARG:CB	0.42	2.83	3	1
1:A:399:VAL:HG12	1:A:403:ASN:ND2	0.42	2.28	3	1
1:A:450:ASN:HD22	1:A:451:THR:N	0.42	2.12	4	1
1:A:557:GLN:OE1	1:A:557:GLN:CA	0.42	2.68	4	1
1:A:699:LEU:O	1:A:700:GLY:C	0.42	2.58	4	1
1:A:197:GLN:OE1	1:A:216:PHE:CD2	0.42	2.73	5	1
1:A:228:CYS:SG	1:A:319:TYR:OH	0.42	2.77	5	1
1:A:99:THR:OG1	1:A:101:GLU:OE1	0.42	2.33	6	1
1:A:116:GLN:OE1	1:A:450:ASN:ND2	0.42	2.52	6	1
1:A:265:ILE:CD1	1:A:265:ILE:H	0.42	2.28	7	1
1:A:424:ILE:N	1:A:449:ILE:CG2	0.42	2.82	7	1
1:A:456:ARG:NE	1:A:456:ARG:CA	0.42	2.83	7	1
1:A:491:LEU:C	1:A:491:LEU:HD13	0.42	2.34	8	1
1:A:719:GLU:OE1	1:A:720:LYS:N	0.42	2.52	10	1
1:A:92:VAL:O	1:A:434:ASN:OD1	0.42	2.37	2	1
1:A:129:ASN:C	1:A:129:ASN:HD22	0.42	2.14	2	1
1:A:106:ASP:OD1	1:A:385:SER:OG	0.42	2.38	3	1
1:A:150:GLN:HE22	1:A:162:ARG:CZ	0.42	2.28	3	1
1:A:425:MET:O	1:A:426:ASP:OD1	0.42	2.38	3	1
1:A:552:ASN:HD22	1:A:552:ASN:C	0.42	2.18	3	1
1:A:427:GLU:O	1:A:428:GLU:CG	0.42	2.68	5	1
1:A:442:ALA:C	1:A:444:ASN:H	0.42	2.18	5	2
1:A:654:GLU:OE2	1:A:654:GLU:O	0.42	2.37	7	1
1:A:691:LYS:C	1:A:693:ALA:N	0.42	2.73	7	1
1:A:563:THR:CG2	1:A:564:GLU:H	0.42	2.28	8	1
1:A:130:ALA:O	1:A:333:SER:OG	0.42	2.37	9	1
1:A:181:GLU:OE1	1:A:209:THR:OG1	0.42	2.38	9	1
1:A:525:GLN:NE2	1:A:525:GLN:CA	0.42	2.82	9	1
1:A:424:ILE:O	1:A:425:MET:C	0.42	2.57	10	1
1:A:343:LEU:O	1:A:358:PRO:O	0.42	2.37	1	1
1:A:564:GLU:O	1:A:568:GLU:OE2	0.42	2.38	1	1
1:A:160:PRO:O	1:A:161:GLN:C	0.42	2.58	2	2
1:A:517:ASP:O	1:A:520:SER:OG	0.42	2.37	2	1
1:A:660:LEU:HD13	1:A:660:LEU:O	0.42	2.15	2	1
1:A:30:LEU:C	1:A:30:LEU:HD23	0.42	2.35	3	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:395:GLY:O	1:A:399:VAL:HG23	0.42	2.15	3	1
1:A:445:ARG:O	1:A:445:ARG:HG2	0.42	2.15	3	1
1:A:29:GLY:O	1:A:30:LEU:O	0.42	2.38	4	1
1:A:65:ASP:OD1	1:A:463:SER:O	0.42	2.38	4	1
1:A:133:ALA:O	1:A:134:ARG:C	0.42	2.57	4	1
1:A:170:VAL:O	1:A:174:LEU:N	0.42	2.39	4	1
1:A:83:SER:O	1:A:86:ARG:N	0.42	2.52	9	2
1:A:273:ASP:OD1	1:A:707:TYR:CG	0.42	2.73	5	1
1:A:280:ALA:O	1:A:281:GLU:C	0.42	2.57	5	1
1:A:602:GLY:O	1:A:606:TYR:CD1	0.42	2.73	5	1
1:A:660:LEU:O	1:A:664:ALA:CB	0.42	2.68	5	1
1:A:108:GLU:C	1:A:110:THR:N	0.42	2.73	6	1
1:A:410:GLU:HG2	1:A:420:LEU:HD13	0.42	1.89	6	1
1:A:414:GLY:O	1:A:415:MET:HB2	0.42	2.13	6	1
1:A:58:ASP:OD1	1:A:58:ASP:C	0.42	2.55	7	1
1:A:421:LYS:CB	1:A:421:LYS:HZ2	0.42	2.26	7	1
1:A:340:VAL:O	1:A:341:GLY:C	0.42	2.58	8	1
1:A:712:LEU:C	1:A:712:LEU:CD2	0.42	2.88	8	1
1:A:494:LEU:HD23	1:A:494:LEU:O	0.42	2.14	9	1
1:A:349:ILE:CG2	1:A:350:TRP:N	0.42	2.82	1	1
1:A:486:GLU:OE2	1:A:506:LYS:CG	0.42	2.68	1	1
1:A:609:ARG:HH22	1:A:630:GLU:CB	0.42	2.27	1	1
1:A:552:ASN:ND2	1:A:552:ASN:C	0.42	2.73	2	1
1:A:552:ASN:ND2	1:A:554:GLN:N	0.42	2.66	2	1
1:A:148:ILE:O	1:A:148:ILE:CG2	0.42	2.68	4	1
1:A:179:PRO:O	1:A:180:LEU:C	0.42	2.56	10	3
1:A:342:HIS:CE1	1:A:343:LEU:HD13	0.42	2.50	4	1
1:A:637:ILE:O	1:A:638:SER:C	0.42	2.57	4	2
1:A:243:ASP:OD2	1:A:245:ASN:N	0.42	2.42	5	1
1:A:105:ILE:HD11	1:A:421:LYS:HZ3	0.42	1.70	6	1
1:A:433:LEU:O	1:A:434:ASN:OD1	0.42	2.37	6	1
1:A:658:ALA:O	1:A:659:SER:C	0.42	2.59	6	1
1:A:120:PRO:O	1:A:121:ALA:HB3	0.42	2.15	8	1
1:A:151:GLU:OE2	1:A:619:LYS:NZ	0.42	2.48	8	1
1:A:430:ARG:HH22	1:A:459:ASP:CG	0.42	2.17	8	1
1:A:436:ARG:N	1:A:436:ARG:HE	0.42	2.12	9	1
1:A:484:ALA:O	1:A:485:TYR:C	0.42	2.57	10	2
1:A:710:PRO:O	1:A:713:HIS:N	0.42	2.52	9	1
1:A:147:ILE:O	1:A:147:ILE:CG2	0.42	2.68	10	1
1:A:85:LEU:HG	1:A:577:LEU:HD21	0.41	1.91	1	1
1:A:424:ILE:HD12	1:A:447:ALA:HB3	0.41	1.92	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:62:ALA:C	1:A:65:ASP:OD1	0.41	2.58	2	1
1:A:426:ASP:C	1:A:428:GLU:N	0.41	2.73	2	1
1:A:667:VAL:O	1:A:671:ASN:OD1	0.41	2.38	2	1
1:A:294:MET:C	1:A:296:GLY:N	0.41	2.74	3	1
1:A:448:PHE:CD1	1:A:449:ILE:N	0.41	2.88	3	1
1:A:583:GLU:O	1:A:584:ASN:CB	0.41	2.68	3	1
1:A:180:LEU:CD2	1:A:209:THR:O	0.41	2.68	4	1
1:A:531:ASN:OD1	1:A:531:ASN:N	0.41	2.53	5	1
1:A:386:VAL:CG1	1:A:388:ILE:HD11	0.41	2.45	6	1
1:A:504:ILE:H	1:A:531:ASN:ND2	0.41	2.13	6	1
1:A:547:HIS:O	1:A:550:GLN:N	0.41	2.50	6	1
1:A:549:HIS:CD2	1:A:549:HIS:N	0.41	2.88	6	1
1:A:576:LEU:C	1:A:578:THR:N	0.41	2.72	6	1
1:A:25:LEU:CD1	1:A:29:GLY:O	0.41	2.68	7	1
1:A:71:ASN:ND2	1:A:81:TYR:OH	0.41	2.53	7	1
1:A:178:LEU:HD11	1:A:233:ASN:ND2	0.41	2.29	7	1
1:A:591:GLU:O	1:A:592:ILE:C	0.41	2.58	7	2
1:A:49:GLU:OE2	1:A:49:GLU:O	0.41	2.38	9	1
1:A:212:THR:O	1:A:215:GLN:OE1	0.41	2.37	9	1
1:A:292:GLY:O	1:A:293:LEU:C	0.41	2.58	9	1
1:A:389:VAL:HG13	1:A:423:GLY:HA3	0.41	1.91	9	1
1:A:488:ASN:O	1:A:491:LEU:N	0.41	2.53	9	1
1:A:498:LEU:H	1:A:498:LEU:CD1	0.41	2.04	9	1
1:A:53:LEU:O	1:A:394:HIS:NE2	0.41	2.53	10	1
1:A:88:LEU:C	1:A:90:TYR:N	0.41	2.74	1	1
1:A:289:ASN:O	1:A:292:GLY:N	0.41	2.53	2	1
1:A:399:VAL:O	1:A:403:ASN:CB	0.41	2.68	2	1
1:A:504:ILE:N	1:A:504:ILE:CD1	0.41	2.83	2	1
1:A:605:GLY:O	1:A:609:ARG:NH1	0.41	2.54	2	1
1:A:16:PHE:CD1	1:A:16:PHE:C	0.41	2.94	4	1
1:A:584:ASN:CG	1:A:587:TRP:CE3	0.41	2.94	4	1
1:A:619:LYS:O	1:A:670:GLN:OE1	0.41	2.37	4	1
1:A:431:THR:O	1:A:431:THR:HG22	0.41	2.15	5	1
1:A:453:PHE:C	1:A:455:ASP:H	0.41	2.18	5	1
1:A:129:ASN:O	1:A:132:ASN:OD1	0.41	2.37	7	1
1:A:610:TRP:O	1:A:612:GLU:N	0.41	2.53	7	1
1:A:722:SER:O	1:A:723:HIS:CD2	0.41	2.73	7	1
1:A:147:ILE:HG22	1:A:148:ILE:HG12	0.41	1.91	8	1
1:A:335:LEU:O	1:A:387:TYR:CD2	0.41	2.74	8	1
1:A:721:GLU:OE2	1:A:721:GLU:O	0.41	2.38	9	1
1:A:482:ILE:HD13	1:A:482:ILE:C	0.41	2.36	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:484:ALA:O	1:A:487:ARG:N	0.41	2.53	10	1
1:A:138:LEU:O	1:A:139:TYR:C	0.41	2.58	1	1
1:A:441:GLN:O	1:A:441:GLN:CG	0.41	2.68	1	1
1:A:563:THR:OG1	1:A:564:GLU:N	0.41	2.51	1	1
1:A:600:VAL:HG13	1:A:601:GLN:N	0.41	2.29	2	1
1:A:108:GLU:OE1	1:A:266:SER:OG	0.41	2.38	3	1
1:A:233:ASN:N	1:A:233:ASN:ND2	0.41	2.66	3	1
1:A:418:ASN:C	1:A:419:THR:HG22	0.41	2.36	3	1
1:A:85:LEU:O	1:A:86:ARG:C	0.41	2.57	4	1
1:A:378:GLN:O	1:A:378:GLN:OE1	0.41	2.37	4	1
1:A:591:GLU:OE1	1:A:591:GLU:CA	0.41	2.68	4	1
1:A:121:ALA:CB	1:A:274:SER:OG	0.41	2.67	5	1
1:A:524:ASP:O	1:A:527:ARG:CB	0.41	2.67	5	1
1:A:609:ARG:NE	1:A:613:GLN:NE2	0.41	2.68	5	1
1:A:112:GLN:OE1	1:A:235:GLY:O	0.41	2.38	6	1
1:A:630:GLU:OE1	1:A:634:THR:CG2	0.41	2.68	6	1
1:A:241:GLN:NE2	1:A:241:GLN:C	0.41	2.74	8	1
1:A:290:LEU:CD1	1:A:290:LEU:C	0.41	2.88	8	1
1:A:298:LEU:CD1	1:A:298:LEU:O	0.41	2.68	8	1
1:A:449:ILE:O	1:A:450:ASN:CG	0.41	2.58	8	1
1:A:615:ILE:HD12	1:A:615:ILE:C	0.41	2.35	8	1
1:A:176:GLU:O	1:A:177:SER:C	0.41	2.56	10	1
1:A:385:SER:OG	1:A:387:TYR:CZ	0.41	2.72	1	1
1:A:406:PHE:O	1:A:445:ARG:CZ	0.41	2.68	1	1
1:A:498:LEU:HD23	1:A:499:ARG:HG3	0.41	1.92	1	1
1:A:663:MET:O	1:A:667:VAL:N	0.41	2.48	1	1
1:A:132:ASN:HD21	1:A:332:ARG:NH2	0.41	2.14	2	1
1:A:175:ASP:OD1	1:A:175:ASP:C	0.41	2.58	2	1
1:A:292:GLY:C	1:A:294:MET:N	0.41	2.74	2	1
1:A:424:ILE:HD13	1:A:438:CYS:SG	0.41	2.56	2	1
1:A:485:TYR:O	1:A:486:GLU:C	0.41	2.59	5	2
1:A:494:LEU:O	1:A:494:LEU:HD22	0.41	2.16	2	1
1:A:127:ALA:O	1:A:128:LEU:C	0.41	2.58	9	3
1:A:208:THR:CG2	1:A:209:THR:H	0.41	2.28	3	1
1:A:538:PRO:O	1:A:539:THR:C	0.41	2.58	4	1
1:A:694:SER:O	1:A:698:PHE:CD1	0.41	2.74	7	1
1:A:137:SER:OG	1:A:140:ASP:CG	0.41	2.59	8	1
1:A:184:SER:OG	1:A:184:SER:O	0.41	2.27	8	1
1:A:508:MET:O	1:A:509:TRP:CD2	0.41	2.73	9	1
1:A:701:VAL:CG2	1:A:702:LYS:HZ3	0.41	2.29	9	1
1:A:400:ALA:O	1:A:404:LYS:CD	0.41	2.68	10	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:572:LEU:O	1:A:576:LEU:N	0.41	2.41	10	1
1:A:24:VAL:O	1:A:25:LEU:C	0.41	2.58	1	2
1:A:131:ALA:C	1:A:133:ALA:N	0.41	2.73	1	1
1:A:222:ASP:OD1	1:A:225:ALA:HB3	0.41	2.15	2	1
1:A:603:ILE:HG13	1:A:604:LEU:N	0.41	2.30	2	1
1:A:77:ASP:OD1	1:A:77:ASP:N	0.41	2.54	3	1
1:A:161:GLN:N	1:A:161:GLN:OE1	0.41	2.54	4	1
1:A:381:SER:N	1:A:382:ARG:HH21	0.41	2.12	4	1
1:A:51:ARG:NH1	1:A:355:ASN:ND2	0.41	2.68	5	1
1:A:7:GLN:OE1	1:A:12:ILE:HG21	0.41	2.15	6	1
1:A:111:SER:O	1:A:111:SER:OG	0.41	2.31	6	1
1:A:88:LEU:C	1:A:88:LEU:CD1	0.41	2.89	8	1
1:A:699:LEU:C	1:A:701:VAL:H	0.41	2.18	8	1
1:A:257:ASN:C	1:A:257:ASN:HD22	0.41	2.18	9	1
1:A:392:LYS:CB	1:A:392:LYS:NZ	0.41	2.84	9	1
1:A:442:ALA:O	1:A:446:VAL:HB	0.41	2.14	9	1
1:A:18:ARG:O	1:A:22:GLU:CD	0.41	2.59	10	1
1:A:112:GLN:HG2	1:A:113:ALA:H	0.41	1.75	10	1
1:A:398:GLU:CD	1:A:399:VAL:HG23	0.41	2.36	10	1
1:A:491:LEU:HG	1:A:492:SER:H	0.41	1.76	10	1
1:A:597:ASP:O	1:A:598:ASN:C	0.41	2.59	1	1
1:A:324:GLY:O	1:A:326:GLU:N	0.41	2.54	2	1
1:A:316:ASP:OD2	1:A:331:GLY:N	0.41	2.43	3	1
1:A:416:ALA:C	1:A:418:ASN:H	0.41	2.18	3	1
1:A:697:ILE:O	1:A:701:VAL:HG13	0.41	2.15	3	1
1:A:61:GLN:O	1:A:65:ASP:OD2	0.41	2.37	4	1
1:A:699:LEU:O	1:A:702:LYS:N	0.41	2.54	4	1
1:A:623:ILE:HD13	1:A:623:ILE:N	0.41	2.29	5	1
1:A:4:THR:HG21	1:A:11:ARG:HE	0.41	1.75	6	1
1:A:359:GLU:CG	1:A:360:GLY:H	0.41	2.28	6	1
1:A:142:LEU:O	1:A:143:TYR:C	0.41	2.56	7	1
1:A:161:GLN:CG	1:A:162:ARG:N	0.41	2.83	7	1
1:A:248:ILE:C	1:A:250:LYS:H	0.41	2.17	7	1
1:A:253:PRO:C	1:A:255:HIS:H	0.41	2.18	7	1
1:A:328:SER:C	1:A:329:LEU:HD12	0.41	2.36	7	1
1:A:359:GLU:CG	1:A:360:GLY:N	0.41	2.81	7	1
1:A:443:ARG:O	1:A:444:ASN:HB2	0.41	2.15	7	1
1:A:289:ASN:O	1:A:290:LEU:C	0.41	2.59	8	1
1:A:267:THR:HG21	1:A:333:SER:OG	0.41	2.16	10	1
1:A:159:ASP:C	1:A:161:GLN:N	0.41	2.74	1	1
1:A:495:PHE:CE1	1:A:561:ALA:HB2	0.41	2.50	1	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:532:THR:CG2	1:A:533:ALA:N	0.41	2.84	1	1
1:A:555:SER:O	1:A:559:ASN:CG	0.41	2.59	1	1
1:A:578:THR:CG2	1:A:579:ILE:N	0.41	2.83	1	1
1:A:112:GLN:O	1:A:113:ALA:CB	0.41	2.68	3	1
1:A:43:VAL:O	1:A:44:HIS:C	0.41	2.58	4	1
1:A:292:GLY:O	1:A:295:GLN:OE1	0.41	2.39	4	1
1:A:329:LEU:C	1:A:330:HIS:CG	0.41	2.93	4	1
1:A:513:ASP:CG	1:A:514:LEU:H	0.41	2.19	4	1
1:A:49:GLU:HG2	1:A:50:ASN:N	0.41	2.31	5	1
1:A:368:GLY:O	1:A:369:ALA:C	0.41	2.58	5	1
1:A:713:HIS:O	1:A:714:ALA:C	0.41	2.59	5	2
1:A:42:ILE:O	1:A:46:LEU:CB	0.41	2.68	6	1
1:A:233:ASN:O	1:A:234:ASN:CB	0.41	2.67	10	2
1:A:143:TYR:C	1:A:143:TYR:CD1	0.41	2.93	7	1
1:A:185:TYR:OH	1:A:256:ILE:HD13	0.41	2.16	7	1
1:A:482:ILE:O	1:A:486:GLU:CB	0.41	2.69	7	1
1:A:41:GLU:O	1:A:45:ASP:CB	0.41	2.69	8	1
1:A:61:GLN:OE1	1:A:462:HIS:CE1	0.41	2.73	8	1
1:A:430:ARG:HH12	1:A:459:ASP:CG	0.41	2.19	8	1
1:A:439:ILE:HD13	1:A:496:CYS:SG	0.41	2.56	8	1
1:A:526:LEU:HD13	1:A:526:LEU:O	0.41	2.16	8	1
1:A:10:LEU:C	1:A:10:LEU:CD1	0.41	2.89	9	1
1:A:13:ASP:CG	1:A:280:ALA:HB1	0.41	2.36	9	1
1:A:290:LEU:HD11	1:A:370:ILE:HD13	0.41	1.92	10	1
1:A:695:ASP:O	1:A:697:ILE:N	0.41	2.53	10	1
1:A:714:ALA:O	1:A:717:LEU:N	0.41	2.41	10	1
1:A:23:GLU:OE1	1:A:24:VAL:N	0.41	2.54	2	1
1:A:271:CYS:O	1:A:272:GLU:C	0.41	2.58	2	1
1:A:373:TYR:O	1:A:377:VAL:CG2	0.41	2.67	2	1
1:A:449:ILE:HG13	1:A:503:GLN:H	0.41	1.74	3	1
1:A:575:ASP:C	1:A:577:LEU:H	0.41	2.18	3	1
1:A:121:ALA:O	1:A:122:MET:C	0.41	2.59	4	1
1:A:290:LEU:CD1	1:A:290:LEU:H	0.41	2.29	4	1
1:A:443:ARG:O	1:A:444:ASN:OD1	0.41	2.38	4	1
1:A:57:ARG:NE	1:A:429:ARG:O	0.41	2.54	5	1
1:A:125:ARG:C	1:A:127:ALA:N	0.41	2.71	5	1
1:A:170:VAL:O	1:A:174:LEU:HD23	0.41	2.16	5	1
1:A:453:PHE:C	1:A:455:ASP:N	0.41	2.74	5	1
1:A:570:GLU:CB	1:A:571:PRO:HD3	0.41	2.45	5	1
1:A:623:ILE:H	1:A:623:ILE:CD1	0.41	2.27	5	1
1:A:632:ARG:H	1:A:632:ARG:HD3	0.41	1.75	5	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:643:ALA:O	1:A:647:ARG:N	0.41	2.52	5	1
1:A:54:LEU:N	1:A:54:LEU:CD2	0.41	2.84	6	1
1:A:160:PRO:O	1:A:164:GLU:CD	0.41	2.59	6	1
1:A:169:TRP:CH2	1:A:172:ARG:NH2	0.41	2.89	6	1
1:A:660:LEU:N	1:A:660:LEU:HD12	0.41	2.29	7	1
1:A:67:TRP:O	1:A:71:ASN:N	0.41	2.34	8	1
1:A:70:SER:O	1:A:71:ASN:O	0.41	2.39	8	1
1:A:491:LEU:C	1:A:491:LEU:CD1	0.41	2.89	8	1
1:A:118:VAL:HG22	1:A:268:ILE:HD11	0.41	1.92	9	1
1:A:124:ALA:O	1:A:125:ARG:C	0.41	2.59	9	1
1:A:421:LYS:HB2	1:A:421:LYS:NZ	0.41	2.31	9	1
1:A:345:THR:HG21	1:A:360:GLY:HA3	0.41	1.93	10	1
1:A:444:ASN:ND2	1:A:445:ARG:N	0.41	2.68	10	1
1:A:14:ALA:O	1:A:15:ASN:C	0.41	2.59	1	1
1:A:186:GLN:OE1	1:A:186:GLN:C	0.41	2.59	1	1
1:A:388:ILE:O	1:A:422:MET:CG	0.41	2.69	1	1
1:A:391:PRO:O	1:A:393:MET:N	0.41	2.54	1	1
1:A:26:PRO:C	1:A:28:THR:H	0.41	2.19	2	1
1:A:366:MET:SD	1:A:366:MET:C	0.41	2.99	2	1
1:A:424:ILE:CD1	1:A:438:CYS:SG	0.41	3.09	2	1
1:A:10:LEU:C	1:A:10:LEU:HD12	0.41	2.36	3	1
1:A:35:PHE:CE1	1:A:39:PHE:CG	0.41	3.09	3	1
1:A:175:ASP:O	1:A:179:PRO:CD	0.41	2.69	3	1
1:A:334:LEU:HD21	1:A:387:TYR:CZ	0.41	2.51	3	1
1:A:388:ILE:O	1:A:423:GLY:N	0.41	2.44	3	1
1:A:3:GLN:CD	1:A:3:GLN:O	0.41	2.58	4	1
1:A:542:THR:O	1:A:543:LEU:C	0.41	2.57	4	1
1:A:691:LYS:O	1:A:695:ASP:OD2	0.41	2.38	4	1
1:A:720:LYS:C	1:A:722:SER:H	0.41	2.19	4	1
1:A:466:GLU:OE2	1:A:466:GLU:O	0.41	2.39	5	1
1:A:585:ALA:O	1:A:586:ASN:CG	0.41	2.59	5	1
1:A:134:ARG:NH1	1:A:262:GLU:CD	0.41	2.74	6	1
1:A:610:TRP:CE3	1:A:610:TRP:O	0.41	2.74	6	1
1:A:690:PHE:CD1	1:A:690:PHE:C	0.41	2.92	6	1
1:A:171:ARG:NH2	1:A:186:GLN:O	0.41	2.54	7	1
1:A:147:ILE:C	1:A:148:ILE:CG1	0.41	2.89	8	1
1:A:238:ILE:CG2	1:A:239:GLU:N	0.41	2.82	8	1
1:A:146:ASP:C	1:A:148:ILE:N	0.41	2.74	9	1
1:A:220:ARG:NH1	1:A:319:TYR:CE1	0.41	2.88	9	1
1:A:273:ASP:OD2	1:A:455:ASP:OD2	0.41	2.39	9	1
1:A:391:PRO:O	1:A:392:LYS:HB2	0.41	2.16	9	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:84:PHE:O	1:A:87:GLU:N	0.41	2.53	10	1
1:A:114:GLY:O	1:A:532:THR:HG22	0.41	2.16	10	1
1:A:160:PRO:O	1:A:164:GLU:N	0.41	2.48	10	1
1:A:503:GLN:CG	1:A:552:ASN:HD21	0.41	2.27	10	1
1:A:541:ALA:O	1:A:542:THR:C	0.41	2.58	10	1
1:A:191:PHE:CG	1:A:229:ILE:CD1	0.41	3.04	1	1
1:A:560:ILE:HD12	1:A:561:ALA:N	0.41	2.31	1	1
1:A:641:HIS:NE2	1:A:645:TRP:CZ2	0.41	2.89	1	1
1:A:398:GLU:N	1:A:398:GLU:CD	0.41	2.75	3	1
1:A:583:GLU:OE2	1:A:641:HIS:CD2	0.41	2.74	3	1
1:A:135:TRP:O	1:A:135:TRP:CE3	0.41	2.73	4	1
1:A:273:ASP:OD1	1:A:707:TYR:CZ	0.41	2.74	5	1
1:A:273:ASP:O	1:A:274:SER:C	0.41	2.58	5	1
1:A:452:GLY:O	1:A:453:PHE:O	0.41	2.38	5	1
1:A:501:LYS:HB3	1:A:501:LYS:HZ2	0.41	1.76	5	1
1:A:542:THR:O	1:A:546:LEU:CD1	0.41	2.69	5	1
1:A:632:ARG:HE	1:A:632:ARG:C	0.41	2.19	5	1
1:A:446:VAL:CG2	1:A:447:ALA:O	0.41	2.68	6	1
1:A:649:GLY:C	1:A:651:LEU:H	0.41	2.20	7	1
1:A:454:LEU:HD12	1:A:507:GLY:O	0.41	2.16	8	1
1:A:498:LEU:CD2	1:A:498:LEU:C	0.41	2.90	8	1
1:A:101:GLU:O	1:A:101:GLU:CG	0.41	2.69	9	1
1:A:172:ARG:O	1:A:176:GLU:OE2	0.41	2.38	9	1
1:A:127:ALA:O	1:A:131:ALA:HB3	0.41	2.15	10	1
1:A:181:GLU:N	1:A:209:THR:O	0.41	2.47	10	1
1:A:333:SER:O	1:A:382:ARG:NH1	0.41	2.50	10	1
1:A:661:GLU:OE2	1:A:662:ASN:CG	0.41	2.59	10	1
1:A:26:PRO:O	1:A:28:THR:N	0.40	2.54	2	1
1:A:103:THR:O	1:A:105:ILE:CD1	0.40	2.70	2	1
1:A:195:ASP:OD1	1:A:195:ASP:O	0.40	2.39	2	1
1:A:243:ASP:H	1:A:257:ASN:HD22	0.40	1.59	2	1
1:A:713:HIS:O	1:A:717:LEU:N	0.40	2.40	2	1
1:A:41:GLU:O	1:A:42:ILE:C	0.40	2.60	6	2
1:A:265:ILE:H	1:A:265:ILE:CD1	0.40	2.22	3	1
1:A:584:ASN:OD1	1:A:584:ASN:C	0.40	2.59	3	1
1:A:202:LEU:HG	1:A:207:GLU:H	0.40	1.76	4	1
1:A:296:GLY:O	1:A:332:ARG:NH2	0.40	2.54	4	1
1:A:83:SER:O	1:A:84:PHE:C	0.40	2.59	9	2
1:A:106:ASP:O	1:A:110:THR:N	0.40	2.51	5	1
1:A:428:GLU:C	1:A:430:ARG:H	0.40	2.19	5	1
1:A:401:PHE:O	1:A:405:LEU:N	0.40	2.46	6	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:517:ASP:O	1:A:518:MET:C	0.40	2.60	6	1
1:A:66:GLU:O	1:A:67:TRP:C	0.40	2.58	7	1
1:A:339:ASN:HD21	1:A:389:VAL:C	0.40	2.20	7	1
1:A:461:MET:C	1:A:463:SER:N	0.40	2.74	7	1
1:A:559:ASN:C	1:A:559:ASN:HD22	0.40	2.19	7	1
1:A:282:ASP:OD1	1:A:282:ASP:C	0.40	2.60	8	1
1:A:630:GLU:C	1:A:631:ASP:OD1	0.40	2.59	8	1
1:A:346:ILE:H	1:A:359:GLU:HG3	0.40	1.75	9	1
1:A:383:THR:O	1:A:384:GLY:C	0.40	2.57	9	1
1:A:402:ALA:O	1:A:403:ASN:C	0.40	2.59	9	1
1:A:38:ASN:O	1:A:42:ILE:CG2	0.40	2.69	10	1
1:A:134:ARG:HG2	1:A:263:ALA:HB3	0.40	1.93	10	1
1:A:490:VAL:HG22	1:A:529:GLY:O	0.40	2.15	10	1
1:A:719:GLU:OE1	1:A:719:GLU:C	0.40	2.59	10	1
1:A:402:ALA:HB1	1:A:406:PHE:CE1	0.40	2.50	1	1
1:A:486:GLU:O	1:A:486:GLU:OE1	0.40	2.39	1	1
1:A:568:GLU:OE1	1:A:568:GLU:CA	0.40	2.69	1	1
1:A:116:GLN:CD	1:A:266:SER:OG	0.40	2.60	2	1
1:A:719:GLU:O	1:A:723:HIS:CE1	0.40	2.74	3	1
1:A:135:TRP:O	1:A:135:TRP:CG	0.40	2.73	4	1
1:A:583:GLU:OE1	1:A:645:TRP:CH2	0.40	2.74	4	1
1:A:18:ARG:O	1:A:22:GLU:CG	0.40	2.69	6	1
1:A:116:GLN:OE1	1:A:450:ASN:CG	0.40	2.60	6	1
1:A:453:PHE:O	1:A:454:LEU:CB	0.40	2.68	6	1
1:A:597:ASP:OD1	1:A:598:ASN:N	0.40	2.53	6	1
1:A:368:GLY:O	1:A:371:ALA:CB	0.40	2.68	8	1
1:A:651:LEU:HD12	1:A:651:LEU:O	0.40	2.16	8	1
1:A:41:GLU:O	1:A:45:ASP:CG	0.40	2.60	9	1
1:A:336:PHE:CE1	1:A:421:LYS:CE	0.40	3.04	9	1
1:A:569:PHE:HA	1:A:572:LEU:HD12	0.40	1.91	9	1
1:A:606:TYR:CD1	1:A:606:TYR:O	0.40	2.74	9	1
1:A:252:ASP:OD2	1:A:256:ILE:O	0.40	2.38	10	1
1:A:347:PRO:O	1:A:348:VAL:CG2	0.40	2.69	10	1
1:A:430:ARG:O	1:A:431:THR:O	0.40	2.38	10	1
1:A:547:HIS:O	1:A:548:TYR:C	0.40	2.59	10	1
1:A:270:ASP:OD1	1:A:270:ASP:N	0.40	2.54	1	1
1:A:437:SER:OG	1:A:438:CYS:N	0.40	2.55	1	1
1:A:452:GLY:O	1:A:453:PHE:C	0.40	2.60	1	1
1:A:135:TRP:CH2	1:A:239:GLU:OE2	0.40	2.75	2	1
1:A:600:VAL:CG1	1:A:601:GLN:N	0.40	2.84	2	1
1:A:652:THR:O	1:A:653:LYS:C	0.40	2.60	2	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:571:PRO:O	1:A:574:ASP:CG	0.40	2.59	3	1
1:A:148:ILE:O	1:A:149:PRO:C	0.40	2.59	4	1
1:A:609:ARG:NH2	1:A:613:GLN:OE1	0.40	2.55	4	1
1:A:509:TRP:CG	1:A:510:ALA:N	0.40	2.89	5	1
1:A:661:GLU:CG	1:A:662:ASN:N	0.40	2.85	5	1
1:A:136:GLY:O	1:A:137:SER:C	0.40	2.59	6	1
1:A:367:THR:C	1:A:369:ALA:N	0.40	2.74	6	1
1:A:511:MET:O	1:A:513:ASP:OD2	0.40	2.39	6	1
1:A:599:ASN:O	1:A:600:VAL:C	0.40	2.59	6	1
1:A:334:LEU:N	1:A:334:LEU:CD1	0.40	2.84	7	1
1:A:436:ARG:N	1:A:436:ARG:CD	0.40	2.84	7	1
1:A:237:HIS:O	1:A:262:GLU:CD	0.40	2.60	8	1
1:A:270:ASP:C	1:A:338:ARG:HH21	0.40	2.19	9	1
1:A:450:ASN:ND2	1:A:534:TRP:CZ2	0.40	2.89	9	1
1:A:233:ASN:ND2	1:A:233:ASN:N	0.40	2.70	10	1
1:A:668:ASP:O	1:A:669:GLN:C	0.40	2.59	10	1
1:A:461:MET:O	1:A:462:HIS:C	0.40	2.58	1	1
1:A:461:MET:O	1:A:465:MET:CB	0.40	2.69	1	1
1:A:495:PHE:CZ	1:A:561:ALA:HB2	0.40	2.51	1	1
1:A:123:ASN:ND2	1:A:125:ARG:H	0.40	2.14	3	1
1:A:547:HIS:CD2	1:A:547:HIS:C	0.40	2.95	3	1
1:A:403:ASN:O	1:A:403:ASN:ND2	0.40	2.54	5	1
1:A:510:ALA:O	1:A:511:MET:C	0.40	2.60	5	1
1:A:108:GLU:CD	1:A:108:GLU:N	0.40	2.74	7	1
1:A:466:GLU:CD	1:A:466:GLU:O	0.40	2.60	8	1
1:A:553:VAL:CG2	1:A:554:GLN:N	0.40	2.85	8	1
1:A:299:GLN:O	1:A:299:GLN:CD	0.40	2.59	9	1
1:A:344:MET:C	1:A:345:THR:OG1	0.40	2.59	9	1
1:A:268:ILE:HD11	1:A:338:ARG:N	0.40	2.31	10	1
1:A:145:SER:OG	1:A:539:THR:HG21	0.40	2.16	1	1
1:A:360:GLY:O	1:A:362:LEU:N	0.40	2.55	1	1
1:A:188:VAL:HG13	1:A:200:ILE:HG23	0.40	1.93	3	1
1:A:545:ALA:O	1:A:549:HIS:CD2	0.40	2.75	3	1
1:A:49:GLU:O	1:A:53:LEU:HD12	0.40	2.17	4	1
1:A:22:GLU:O	1:A:26:PRO:CG	0.40	2.70	5	1
1:A:96:GLU:OE1	1:A:96:GLU:N	0.40	2.44	5	1
1:A:418:ASN:CG	1:A:419:THR:H	0.40	2.19	6	1
1:A:576:LEU:O	1:A:578:THR:N	0.40	2.54	6	1
1:A:606:TYR:CD1	1:A:630:GLU:O	0.40	2.75	6	1
1:A:270:ASP:CG	1:A:271:CYS:H	0.40	2.19	7	1
1:A:353:GLU:O	1:A:354:GLY:C	0.40	2.58	7	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Clash(Å)	Distance(Å)	Models	
				Worst	Total
1:A:579:ILE:O	1:A:579:ILE:CD1	0.40	2.70	7	1
1:A:649:GLY:O	1:A:650:ILE:C	0.40	2.60	8	1
1:A:185:TYR:O	1:A:185:TYR:CG	0.40	2.74	9	1
1:A:484:ALA:O	1:A:487:ARG:CG	0.40	2.69	9	1
1:A:508:MET:C	1:A:509:TRP:CG	0.40	2.95	9	1
1:A:702:LYS:HD2	1:A:702:LYS:H	0.40	1.75	9	1
1:A:550:GLN:O	1:A:550:GLN:HG3	0.40	2.16	10	1

6.3 Torsion angles [\(i\)](#)

6.3.1 Protein backbone [\(i\)](#)

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles
1	A	677/731 (93%)	520±10 (77±1%)	109±9 (16±1%)	48±4 (7±1%)	2 16
All	All	6770/7310 (93%)	5202 (77%)	1090 (16%)	478 (7%)	2 16

All 180 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	195	ASP	10
1	A	278	VAL	10
1	A	444	ASN	10
1	A	500	GLY	9
1	A	440	ALA	8
1	A	105	ILE	7
1	A	356	GLU	7
1	A	415	MET	7
1	A	426	ASP	7
1	A	330	HIS	7
1	A	391	PRO	7
1	A	121	ALA	6
1	A	211	ARG	6
1	A	417	PRO	6
1	A	414	GLY	6

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	445	ARG	6
1	A	298	LEU	5
1	A	325	SER	5
1	A	358	PRO	5
1	A	394	HIS	5
1	A	442	ALA	5
1	A	499	ARG	5
1	A	506	LYS	5
1	A	513	ASP	5
1	A	314	ASN	5
1	A	272	GLU	5
1	A	74	PRO	4
1	A	149	PRO	4
1	A	160	PRO	4
1	A	378	GLN	4
1	A	420	LEU	4
1	A	428	GLU	4
1	A	446	VAL	4
1	A	626	VAL	4
1	A	650	ILE	4
1	A	124	ALA	4
1	A	283	LYS	4
1	A	418	ASN	4
1	A	580	PRO	4
1	A	618	SER	4
1	A	706	GLY	4
1	A	30	LEU	4
1	A	150	GLN	4
1	A	432	SER	4
1	A	111	SER	4
1	A	203	LYS	4
1	A	76	LYS	3
1	A	270	ASP	3
1	A	280	ALA	3
1	A	453	PHE	3
1	A	179	PRO	3
1	A	255	HIS	3
1	A	326	GLU	3
1	A	585	ALA	3
1	A	704	PRO	3
1	A	95	PRO	3
1	A	113	ALA	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	120	PRO	3
1	A	135	TRP	3
1	A	197	GLN	3
1	A	217	VAL	3
1	A	392	LYS	3
1	A	429	ARG	3
1	A	451	THR	3
1	A	638	SER	3
1	A	137	SER	3
1	A	345	THR	3
1	A	384	GLY	3
1	A	90	TYR	3
1	A	416	ALA	3
1	A	122	MET	3
1	A	348	VAL	3
1	A	344	MET	2
1	A	372	LEU	2
1	A	511	MET	2
1	A	616	GLY	2
1	A	627	ALA	2
1	A	637	ILE	2
1	A	180	LEU	2
1	A	342	HIS	2
1	A	466	GLU	2
1	A	505	GLY	2
1	A	508	MET	2
1	A	133	ALA	2
1	A	151	GLU	2
1	A	152	GLY	2
1	A	379	LYS	2
1	A	419	THR	2
1	A	441	GLN	2
1	A	452	GLY	2
1	A	576	LEU	2
1	A	700	GLY	2
1	A	214	ALA	2
1	A	315	ASP	2
1	A	341	GLY	2
1	A	360	GLY	2
1	A	395	GLY	2
1	A	456	ARG	2
1	A	564	GLU	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	707	TYR	2
1	A	291	LEU	2
1	A	357	ILE	2
1	A	431	THR	2
1	A	443	ARG	2
1	A	519	TYR	2
1	A	577	LEU	2
1	A	26	PRO	2
1	A	106	ASP	2
1	A	249	GLY	2
1	A	455	ASP	2
1	A	184	SER	2
1	A	245	ASN	2
1	A	584	ASN	2
1	A	153	ALA	2
1	A	226	PRO	2
1	A	89	GLY	1
1	A	93	PRO	1
1	A	427	GLU	1
1	A	454	LEU	1
1	A	512	PRO	1
1	A	614	GLY	1
1	A	227	THR	1
1	A	279	ASP	1
1	A	699	LEU	1
1	A	210	LEU	1
1	A	271	CYS	1
1	A	322	ALA	1
1	A	563	THR	1
1	A	243	ASP	1
1	A	244	ALA	1
1	A	367	THR	1
1	A	393	MET	1
1	A	507	GLY	1
1	A	530	ALA	1
1	A	587	TRP	1
1	A	623	ILE	1
1	A	721	GLU	1
1	A	157	GLY	1
1	A	274	SER	1
1	A	297	THR	1
1	A	632	ARG	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	705	ASN	1
1	A	8	SER	1
1	A	465	MET	1
1	A	501	LYS	1
1	A	531	ASN	1
1	A	566	ASN	1
1	A	586	ASN	1
1	A	619	LYS	1
1	A	646	LEU	1
1	A	3	GLN	1
1	A	36	TRP	1
1	A	423	GLY	1
1	A	578	THR	1
1	A	636	ARG	1
1	A	71	ASN	1
1	A	72	PRO	1
1	A	148	ILE	1
1	A	189	VAL	1
1	A	430	ARG	1
1	A	498	LEU	1
1	A	115	PRO	1
1	A	234	ASN	1
1	A	296	GLY	1
1	A	362	LEU	1
1	A	459	ASP	1
1	A	583	GLU	1
1	A	29	GLY	1
1	A	78	LYS	1
1	A	181	GLU	1
1	A	188	VAL	1
1	A	254	ALA	1
1	A	313	LEU	1
1	A	340	VAL	1
1	A	492	SER	1
1	A	542	THR	1
1	A	543	LEU	1
1	A	547	HIS	1
1	A	550	GLN	1
1	A	565	PHE	1

6.3.2 Protein sidechains [\(i\)](#)

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

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles
1	A	563/607 (93%)	469±4 (83±1%)	94±4 (17±1%)	5 41
All	All	5630/6070 (93%)	4690 (83%)	940 (17%)	5 41

All 396 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	498	LEU	9
1	A	191	PHE	8
1	A	494	LEU	8
1	A	10	LEU	7
1	A	128	LEU	7
1	A	491	LEU	7
1	A	298	LEU	7
1	A	105	ILE	6
1	A	279	ASP	6
1	A	362	LEU	6
1	A	444	ASN	6
1	A	506	LYS	6
1	A	313	LEU	6
1	A	449	ILE	6
1	A	579	ILE	6
1	A	632	ARG	6
1	A	12	ILE	5
1	A	143	TYR	5
1	A	330	HIS	5
1	A	433	LEU	5
1	A	499	ARG	5
1	A	515	MET	5
1	A	551	THR	5
1	A	204	ASN	5
1	A	335	LEU	5
1	A	336	PHE	5
1	A	482	ILE	5
1	A	485	TYR	5
1	A	387	TYR	5

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	418	ASN	5
1	A	443	ARG	5
1	A	584	ASN	5
1	A	647	ARG	5
1	A	18	ARG	4
1	A	59	ARG	4
1	A	90	TYR	4
1	A	108	GLU	4
1	A	122	MET	4
1	A	206	LYS	4
1	A	273	ASP	4
1	A	285	LEU	4
1	A	312	LYS	4
1	A	339	ASN	4
1	A	429	ARG	4
1	A	450	ASN	4
1	A	453	PHE	4
1	A	519	TYR	4
1	A	132	ASN	4
1	A	138	LEU	4
1	A	247	ARG	4
1	A	269	LEU	4
1	A	294	MET	4
1	A	372	LEU	4
1	A	445	ARG	4
1	A	446	VAL	4
1	A	501	LYS	4
1	A	534	TRP	4
1	A	552	ASN	4
1	A	36	TRP	4
1	A	88	LEU	4
1	A	135	TRP	4
1	A	211	ARG	4
1	A	268	ILE	4
1	A	646	LEU	4
1	A	94	GLN	4
1	A	266	SER	4
1	A	409	ILE	4
1	A	532	THR	4
1	A	576	LEU	4
1	A	702	LYS	4
1	A	4	THR	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	30	LEU	3
1	A	57	ARG	3
1	A	78	LYS	3
1	A	125	ARG	3
1	A	139	TYR	3
1	A	142	LEU	3
1	A	148	ILE	3
1	A	185	TYR	3
1	A	186	GLN	3
1	A	212	THR	3
1	A	245	ASN	3
1	A	278	VAL	3
1	A	281	GLU	3
1	A	379	LYS	3
1	A	401	PHE	3
1	A	412	MET	3
1	A	420	LEU	3
1	A	526	LEU	3
1	A	618	SER	3
1	A	651	LEU	3
1	A	711	LEU	3
1	A	712	LEU	3
1	A	16	PHE	3
1	A	67	TRP	3
1	A	76	LYS	3
1	A	81	TYR	3
1	A	129	ASN	3
1	A	134	ARG	3
1	A	297	THR	3
1	A	319	TYR	3
1	A	374	ASP	3
1	A	376	LYS	3
1	A	394	HIS	3
1	A	451	THR	3
1	A	489	ASN	3
1	A	543	LEU	3
1	A	631	ASP	3
1	A	641	HIS	3
1	A	82	LYS	3
1	A	91	LEU	3
1	A	182	ASN	3
1	A	234	ASN	3

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	293	LEU	3
1	A	334	LEU	3
1	A	355	ASN	3
1	A	537	SER	3
1	A	586	ASN	3
1	A	587	TRP	3
1	A	645	TRP	3
1	A	707	TYR	3
1	A	45	ASP	3
1	A	117	LEU	3
1	A	199	ARG	3
1	A	201	GLN	3
1	A	208	THR	3
1	A	215	GLN	3
1	A	338	ARG	3
1	A	345	THR	3
1	A	456	ARG	3
1	A	481	TRP	3
1	A	548	TYR	3
1	A	557	GLN	3
1	A	559	ASN	3
1	A	25	LEU	3
1	A	232	LYS	3
1	A	287	TYR	3
1	A	628	LEU	3
1	A	102	THR	3
1	A	325	SER	3
1	A	346	ILE	3
1	A	421	LYS	3
1	A	427	GLU	3
1	A	465	MET	3
1	A	696	LEU	3
1	A	393	MET	3
1	A	283	LYS	3
1	A	19	PHE	2
1	A	85	LEU	2
1	A	97	ARG	2
1	A	147	ILE	2
1	A	169	TRP	2
1	A	192	LYS	2
1	A	238	ILE	2
1	A	271	CYS	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	314	ASN	2
1	A	366	MET	2
1	A	378	GLN	2
1	A	382	ARG	2
1	A	388	ILE	2
1	A	487	ARG	2
1	A	503	GLN	2
1	A	511	MET	2
1	A	550	GLN	2
1	A	563	THR	2
1	A	601	GLN	2
1	A	663	MET	2
1	A	698	PHE	2
1	A	6	THR	2
1	A	23	GLU	2
1	A	31	ASP	2
1	A	137	SER	2
1	A	209	THR	2
1	A	242	ILE	2
1	A	250	LYS	2
1	A	299	GLN	2
1	A	406	PHE	2
1	A	415	MET	2
1	A	518	MET	2
1	A	591	GLU	2
1	A	604	LEU	2
1	A	619	LYS	2
1	A	660	LEU	2
1	A	709	GLU	2
1	A	720	LYS	2
1	A	37	ARG	2
1	A	53	LEU	2
1	A	146	ASP	2
1	A	158	TYR	2
1	A	177	SER	2
1	A	210	LEU	2
1	A	233	ASN	2
1	A	237	HIS	2
1	A	265	ILE	2
1	A	290	LEU	2
1	A	359	GLU	2
1	A	381	SER	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	405	LEU	2
1	A	419	THR	2
1	A	448	PHE	2
1	A	462	HIS	2
1	A	574	ASP	2
1	A	575	ASP	2
1	A	594	GLN	2
1	A	595	GLU	2
1	A	652	THR	2
1	A	655	GLN	2
1	A	38	ASN	2
1	A	103	THR	2
1	A	112	GLN	2
1	A	200	ILE	2
1	A	257	ASN	2
1	A	410	GLU	2
1	A	430	ARG	2
1	A	432	SER	2
1	A	435	LEU	2
1	A	488	ASN	2
1	A	496	CYS	2
1	A	539	THR	2
1	A	598	ASN	2
1	A	606	TYR	2
1	A	609	ARG	2
1	A	636	ARG	2
1	A	9	ARG	2
1	A	69	ARG	2
1	A	197	GLN	2
1	A	227	THR	2
1	A	228	CYS	2
1	A	239	GLU	2
1	A	267	THR	2
1	A	342	HIS	2
1	A	408	ARG	2
1	A	454	LEU	2
1	A	525	GLN	2
1	A	542	THR	2
1	A	635	LEU	2
1	A	638	SER	2
1	A	644	ASN	2
1	A	715	TRP	2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	77	ASP	2
1	A	99	THR	2
1	A	109	ILE	2
1	A	380	ASN	2
1	A	389	VAL	2
1	A	565	PHE	2
1	A	577	LEU	2
1	A	625	ASN	2
1	A	671	ASN	2
1	A	220	ARG	2
1	A	343	LEU	2
1	A	361	ILE	2
1	A	373	TYR	2
1	A	383	THR	2
1	A	436	ARG	2
1	A	441	GLN	2
1	A	17	LYS	2
1	A	46	LEU	2
1	A	171	ARG	2
1	A	187	ASP	2
1	A	236	LEU	2
1	A	344	MET	2
1	A	370	ILE	2
1	A	522	LYS	2
1	A	569	PHE	2
1	A	653	LYS	2
1	A	332	ARG	2
1	A	718	ARG	2
1	A	11	ARG	1
1	A	44	HIS	1
1	A	116	GLN	1
1	A	150	GLN	1
1	A	260	ILE	1
1	A	397	GLN	1
1	A	434	ASN	1
1	A	568	GLU	1
1	A	630	GLU	1
1	A	3	GLN	1
1	A	21	ASP	1
1	A	375	LEU	1
1	A	404	LYS	1
1	A	413	LEU	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	422	MET	1
1	A	508	MET	1
1	A	637	ILE	1
1	A	699	LEU	1
1	A	703	GLN	1
1	A	13	ASP	1
1	A	15	ASN	1
1	A	54	LEU	1
1	A	65	ASP	1
1	A	216	PHE	1
1	A	231	LEU	1
1	A	252	ASP	1
1	A	275	VAL	1
1	A	352	SER	1
1	A	437	SER	1
1	A	51	ARG	1
1	A	123	ASN	1
1	A	295	GLN	1
1	A	318	HIS	1
1	A	323	ASP	1
1	A	337	ILE	1
1	A	407	THR	1
1	A	439	ILE	1
1	A	531	ASN	1
1	A	549	HIS	1
1	A	162	ARG	1
1	A	178	LEU	1
1	A	207	GLU	1
1	A	316	ASP	1
1	A	350	TRP	1
1	A	357	ILE	1
1	A	459	ASP	1
1	A	460	GLU	1
1	A	544	HIS	1
1	A	573	LEU	1
1	A	592	ILE	1
1	A	622	ASP	1
1	A	623	ILE	1
1	A	661	GLU	1
1	A	690	PHE	1
1	A	22	GLU	1
1	A	41	GLU	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	56	GLU	1
1	A	161	GLN	1
1	A	164	GLU	1
1	A	272	GLU	1
1	A	390	LYS	1
1	A	483	LYS	1
1	A	492	SER	1
1	A	517	ASP	1
1	A	572	LEU	1
1	A	650	ILE	1
1	A	691	LYS	1
1	A	28	THR	1
1	A	71	ASN	1
1	A	106	ASP	1
1	A	172	ARG	1
1	A	173	PHE	1
1	A	262	GLU	1
1	A	317	ARG	1
1	A	320	THR	1
1	A	385	SER	1
1	A	411	THR	1
1	A	457	THR	1
1	A	509	TRP	1
1	A	524	ASP	1
1	A	578	THR	1
1	A	612	GLU	1
1	A	629	MET	1
1	A	634	THR	1
1	A	668	ASP	1
1	A	669	GLN	1
1	A	717	LEU	1
1	A	86	ARG	1
1	A	140	ASP	1
1	A	196	LYS	1
1	A	198	LEU	1
1	A	241	GLN	1
1	A	243	ASP	1
1	A	282	ASP	1
1	A	289	ASN	1
1	A	392	LYS	1
1	A	428	GLU	1
1	A	514	LEU	1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Models (Total)
1	A	570	GLU	1
1	A	603	ILE	1
1	A	610	TRP	1
1	A	654	GLU	1
1	A	665	LYS	1
1	A	49	GLU	1
1	A	58	ASP	1
1	A	101	GLU	1
1	A	126	TYR	1
1	A	151	GLU	1
1	A	176	GLU	1
1	A	326	GLU	1
1	A	425	MET	1
1	A	546	LEU	1
1	A	599	ASN	1
1	A	662	ASN	1
1	A	670	GLN	1
1	A	697	ILE	1
1	A	713	HIS	1
1	A	7	GLN	1
1	A	96	GLU	1
1	A	159	ASP	1
1	A	219	TYR	1
1	A	230	LEU	1
1	A	270	ASP	1
1	A	288	ARG	1
1	A	333	SER	1
1	A	398	GLU	1
1	A	461	MET	1
1	A	504	ILE	1
1	A	564	GLU	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 monosaccharides in this entry.

6.6 Ligand geometry [\(i\)](#)

There are no ligands in this entry.

6.7 Other polymers [\(i\)](#)

There are no such molecules in this entry.

6.8 Polymer linkage issues [\(i\)](#)

There are no chain breaks in this entry.

7 Chemical shift validation i

No chemical shift data were provided