



Full wwPDB X-ray Structure Validation Report ⓘ

Mar 10, 2026 – 02:03 AM UTC

PDB ID : 3AGQ / pdb_00003agq
Title : Structure of viral polymerase form II
Authors : Takeshita, D.; Tomita, K.
Deposited on : 2010-04-06
Resolution : 3.22 Å(reported)

This is a Full wwPDB X-ray 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/XrayValidationReportHelp>

with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

The types of validation reports are described at

<http://www.wwpdb.org/validation/2017/FAQs#types>.

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

MolProbity	:	4-5-2 with Phenix2.0
Xtriage (Phenix)	:	2.0
EDS	:	3.0
Percentile statistics	:	20250101.v01 (using entries in the PDB archive January 1st 2025)
CCP4	:	9.0.010 (Gargrove)
Density-Fitness	:	1.0.12
Ideal geometry (proteins)	:	Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA)	:	Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP)	:	2.49

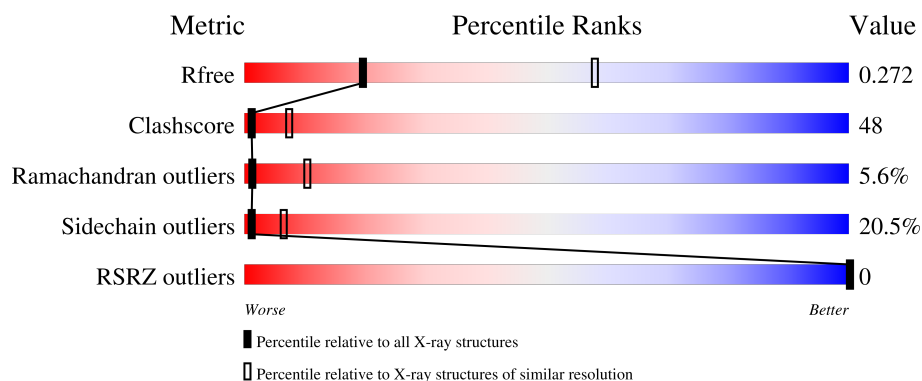
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

X-RAY DIFFRACTION

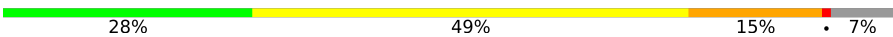
The reported resolution of this entry is 3.22 Å.

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)	Similar resolution (#Entries, resolution range(Å))
R_{free}	180053	1768 (3.24-3.20)
Clashscore	190562	1879 (3.24-3.20)
Ramachandran outliers	187476	1844 (3.24-3.20)
Sidechain outliers	187428	1843 (3.24-3.20)
RSRZ outliers	180081	1768 (3.24-3.20)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the electron density. The red, orange, yellow and green segments of the lower bar indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 3 , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria respectively. 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 $\leq 5\%$. The upper red bar (where present) indicates the fraction of residues that have poor fit to the electron density. The numeric value is given above the bar.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	A	1289	

2 Entry composition

There are 3 unique types of molecules in this entry. The entry contains 9257 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

In the tables below, the ZeroOcc column contains the number of atoms modelled with zero occupancy, the AltConf column contains the number of residues with at least one atom in alternate conformation and the Trace column contains the number of residues modelled with at most 2 atoms.

- Molecule 1 is a protein called Elongation factor Ts, Elongation factor Tu 1, LINKER, Q beta replicase.

Mol	Chain	Residues	Atoms					ZeroOcc	AltConf	Trace
1	A	1199	Total	C	N	O	S	0	0	0
			9252	5843	1600	1764	45			

There are 7 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	284	HIS	-	linker	UNP P0A6P3
A	1284	HIS	-	expression tag	UNP Q8LTE0
A	1285	HIS	-	expression tag	UNP Q8LTE0
A	1286	HIS	-	expression tag	UNP Q8LTE0
A	1287	HIS	-	expression tag	UNP Q8LTE0
A	1288	HIS	-	expression tag	UNP Q8LTE0
A	1289	HIS	-	expression tag	UNP Q8LTE0

- Molecule 2 is MAGNESIUM ION (CCD ID: MG) (formula: Mg).

Mol	Chain	Residues	Atoms		ZeroOcc	AltConf
2	A	1	Total	Mg	0	0
			1	1		

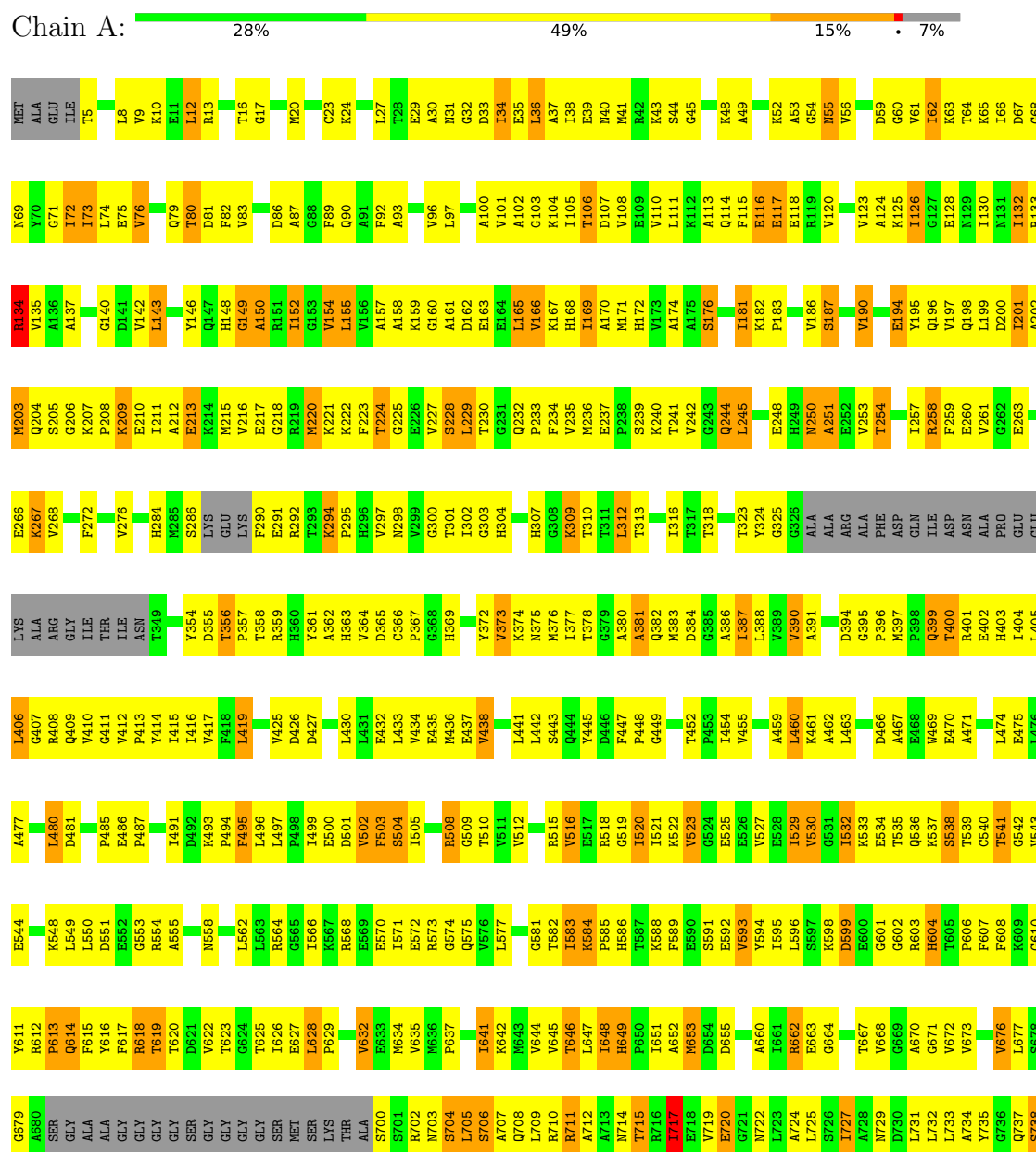
- Molecule 3 is water.

Mol	Chain	Residues	Atoms		ZeroOcc	AltConf
3	A	4	Total	O	0	0
			4	4		

3 Residue-property plots

These plots are drawn for all protein, RNA, DNA and oligosaccharide chains in the entry. The first graphic for a chain summarises the proportions of the various outlier classes displayed in the second graphic. The second graphic shows the sequence view annotated by issues in geometry and electron density. Residues are color-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. A red dot above a residue indicates a poor fit to the electron density ($RSRZ > 2$). Stretches of 2 or more consecutive residues without any outlier are shown as a green connector. Residues present in the sample, but not in the model, are shown in grey.

- Molecule 1: Elongation factor Ts, Elongation factor Tu 1, LINKER, Q beta replicase





4 Data and refinement statistics

Property	Value	Source
Space group	C 2 2 21	Depositor
Cell constants a, b, c, α , β , γ	138.77Å 255.12Å 100.97Å 90.00° 90.00° 90.00°	Depositor
Resolution (Å)	20.00 – 3.22 20.00 – 3.22	Depositor EDS
% Data completeness (in resolution range)	97.6 (20.00-3.22) 97.1 (20.00-3.22)	Depositor EDS
R_{merge}	0.11	Depositor
R_{sym}	(Not available)	Depositor
$\langle I/\sigma(I) \rangle$ ¹	2.44 (at 3.24Å)	Xtriage
Refinement program	PHENIX	Depositor
R, R_{free}	0.251 , 0.317 (Not available) , 0.272	Depositor DCC
R_{free} test set	1452 reflections (4.94%)	wwPDB-VP
Wilson B-factor (Å ²)	86.5	Xtriage
Anisotropy	0.572	Xtriage
Bulk solvent k_{sol} (e/Å ³), B_{sol} (Å ²)	0.26 , 55.5	EDS
L-test for twinning ²	$\langle L \rangle = 0.38$, $\langle L^2 \rangle = 0.21$	Xtriage
Estimated twinning fraction	0.077 for 1/2*h-1/2*k,-3/2*h-1/2*k,-l 0.022 for 1/2*h+1/2*k,3/2*h-1/2*k,-l	Xtriage
F_o, F_c correlation	0.94	EDS
Total number of atoms	9257	wwPDB-VP
Average B, all atoms (Å ²)	132.0	wwPDB-VP

Xtriage's analysis on translational NCS is as follows: *The largest off-origin peak in the Patterson function is 4.26% of the height of the origin peak. No significant pseudotranslation is detected.*

¹Intensities estimated from amplitudes.

²Theoretical values of $\langle |L| \rangle$, $\langle L^2 \rangle$ for acentric reflections are 0.5, 0.333 respectively for untwinned datasets, and 0.375, 0.2 for perfectly twinned datasets.

5 Model quality [i](#)

5.1 Standard geometry [i](#)

Bond lengths and bond angles in the following residue types are not validated in this section: MG

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

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	$\# Z > 5$	RMSZ	$\# Z > 5$
1	A	0.54	2/9421 (0.0%)	0.98	36/12741 (0.3%)

All (2) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	A	1062	VAL	CA-CB	14.54	1.62	1.54
1	A	717	ILE	CA-CB	6.12	1.60	1.54

All (36) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	286	SER	CA-C-O	-23.09	81.55	120.80
1	A	998	SER	CA-C-N	9.27	131.42	119.84
1	A	998	SER	C-N-CA	9.27	131.42	119.84
1	A	833	ILE	N-CA-C	8.27	118.32	110.30
1	A	869	LEU	CA-C-N	7.68	128.13	119.83
1	A	869	LEU	C-N-CA	7.68	128.13	119.83
1	A	1173	ASN	CA-C-N	7.37	127.00	119.19
1	A	1173	ASN	C-N-CA	7.37	127.00	119.19
1	A	584	LYS	CA-C-N	7.19	127.45	119.90
1	A	584	LYS	C-N-CA	7.19	127.45	119.90
1	A	1243	ASN	CA-C-N	6.82	128.37	119.84
1	A	1243	ASN	C-N-CA	6.82	128.37	119.84
1	A	981	CYS	N-CA-C	6.37	117.89	111.07
1	A	1243	ASN	N-CA-C	6.30	118.66	110.40
1	A	910	SER	N-CA-C	-6.23	105.81	113.41
1	A	612	ARG	CA-C-N	6.15	127.53	119.84
1	A	612	ARG	C-N-CA	6.15	127.53	119.84
1	A	986	PRO	N-CA-C	-6.10	103.26	110.70
1	A	251	ALA	N-CA-C	6.00	119.15	109.86

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	A	218	GLY	N-CA-C	-5.86	105.68	112.83
1	A	1053	ASP	N-CA-C	-5.75	106.88	112.97
1	A	814	ASN	N-CA-C	5.69	118.44	109.96
1	A	34	ILE	N-CA-C	5.61	115.69	110.42
1	A	237	GLU	CA-C-N	5.59	126.83	119.84
1	A	237	GLU	C-N-CA	5.59	126.83	119.84
1	A	969	LEU	N-CA-C	5.56	117.58	108.52
1	A	899	PRO	N-CA-C	-5.55	108.91	114.68
1	A	1163	ASP	N-CA-C	-5.54	104.08	112.99
1	A	294	LYS	CA-C-N	5.51	125.52	119.90
1	A	294	LYS	C-N-CA	5.51	125.52	119.90
1	A	783	GLU	N-CA-C	-5.47	106.52	114.12
1	A	309	LYS	N-CA-C	-5.46	106.12	112.89
1	A	702	ARG	N-CA-C	5.26	116.80	108.96
1	A	706	SER	N-CA-C	-5.12	105.69	111.28
1	A	653	MET	N-CA-C	5.03	115.94	108.60
1	A	620	THR	N-CA-C	5.01	116.66	108.55

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

5.2 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 the 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 within the asymmetric unit, whereas Symm-Clashes lists symmetry-related clashes.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	A	9252	0	9234	882	0
2	A	1	0	0	0	0
3	A	4	0	0	0	0
All	All	9257	0	9234	882	0

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 48.

All (882) close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:930:ILE:HD11	1:A:1021:TYR:HD2	1.17	1.07
1:A:893:ARG:HH11	1:A:893:ARG:HB3	1.20	1.06
1:A:133:ARG:HG2	1:A:134:ARG:H	1.20	1.04
1:A:198:GLN:HA	1:A:201:ILE:HG12	1.37	1.04
1:A:399:GLN:H	1:A:399:GLN:HE21	1.06	1.02
1:A:202:ALA:HB1	1:A:207:LYS:HD2	1.42	1.01
1:A:520:ILE:HD11	1:A:554:ARG:HG3	1.44	0.99
1:A:930:ILE:HD11	1:A:1021:TYR:CD2	1.99	0.97
1:A:800:THR:HG22	1:A:803:ARG:HH11	1.30	0.95
1:A:544:GLU:HB3	1:A:549:LEU:HG	1.48	0.95
1:A:208:PRO:HG2	1:A:211:ILE:HD13	1.47	0.94
1:A:806:ARG:H	1:A:807:PRO:HD2	1.30	0.93
1:A:1121:ASN:HD21	1:A:1167:VAL:H	1.10	0.92
1:A:212:ALA:O	1:A:216:VAL:HG23	1.69	0.91
1:A:1035:ARG:HG3	1:A:1048:VAL:HG11	1.52	0.91
1:A:747:ILE:HG22	1:A:771:SER:HA	1.56	0.88
1:A:968:ASP:H	1:A:1081:THR:HG22	1.38	0.88
1:A:734:ALA:HB1	1:A:1136:ARG:O	1.74	0.88
1:A:801:ASN:HA	1:A:979:ALA:HB2	1.55	0.87
1:A:220:MET:O	1:A:224:THR:HG22	1.75	0.87
1:A:749:PHE:CE1	1:A:766:LYS:HG2	2.09	0.87
1:A:1100:ASP:OD1	1:A:1102:THR:HG23	1.74	0.86
1:A:894:ILE:HG13	1:A:895:SER:O	1.75	0.85
1:A:969:LEU:HB2	1:A:1053:ASP:HB2	1.58	0.85
1:A:302:ILE:HD13	1:A:366:CYS:HB2	1.59	0.84
1:A:491:ILE:HG22	1:A:555:ALA:HB3	1.59	0.84
1:A:508:ARG:HD3	1:A:562:LEU:HD21	1.59	0.84
1:A:49:ALA:HB2	1:A:123:VAL:HG11	1.59	0.84
1:A:800:THR:HG22	1:A:803:ARG:NH1	1.93	0.84
1:A:797:CYS:HB3	1:A:1012:GLU:HB3	1.59	0.83
1:A:893:ARG:HB3	1:A:893:ARG:NH1	1.94	0.83
1:A:849:SER:HA	1:A:863:PRO:HG3	1.59	0.83
1:A:298:ASN:HB3	1:A:362:ALA:HB3	1.61	0.82
1:A:743:GLU:HB2	1:A:778:LEU:HD22	1.61	0.82
1:A:499:ILE:HD13	1:A:512:VAL:HG11	1.60	0.81
1:A:529:ILE:HG12	1:A:529:ILE:O	1.80	0.81
1:A:837:PRO:HG3	1:A:992:VAL:HG11	1.63	0.81
1:A:134:ARG:HH21	1:A:134:ARG:HG3	1.44	0.81
1:A:20:MET:HE3	1:A:20:MET:HA	1.63	0.81
1:A:1110:ILE:HD11	1:A:1116:LEU:HA	1.61	0.81
1:A:1060:CYS:O	1:A:1063:PRO:HD2	1.82	0.79
1:A:991:GLU:C	1:A:993:LEU:H	1.91	0.78

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1057:LEU:HD13	1:A:1065:LEU:HD22	1.64	0.78
1:A:272:PHE:HE1	1:A:310:THR:HG22	1.48	0.77
1:A:1151:GLN:HE21	1:A:1151:GLN:H	1.30	0.77
1:A:169:ILE:HD11	1:A:229:LEU:HD11	1.65	0.77
1:A:165:LEU:O	1:A:169:ILE:HG22	1.84	0.76
1:A:874:THR:HG22	1:A:877:ALA:H	1.50	0.76
1:A:1068:VAL:O	1:A:1072:VAL:HG13	1.84	0.76
1:A:1180:GLY:O	1:A:1181:TRP:HB2	1.86	0.76
1:A:62:ILE:HG13	1:A:261:VAL:HG23	1.67	0.75
1:A:1094:HIS:H	1:A:1102:THR:HG22	1.51	0.75
1:A:846:CYS:SG	1:A:926:PHE:HA	2.26	0.75
1:A:948:GLN:O	1:A:952:GLN:HG3	1.87	0.75
1:A:955:ALA:HB2	1:A:1090:SER:HB3	1.69	0.75
1:A:233:PRO:HA	1:A:241:THR:HA	1.70	0.74
1:A:1121:ASN:ND2	1:A:1167:VAL:H	1.82	0.74
1:A:1110:ILE:HD11	1:A:1116:LEU:CA	2.17	0.74
1:A:897:ILE:O	1:A:897:ILE:HG23	1.86	0.74
1:A:717:ILE:HD13	1:A:717:ILE:C	2.13	0.73
1:A:356:THR:HG21	1:A:481:ASP:OD1	1.88	0.73
1:A:981:CYS:O	1:A:985:LEU:HD12	1.88	0.73
1:A:1026:GLU:O	1:A:1030:PHE:CD1	2.41	0.73
1:A:741:ASN:HD22	1:A:742:SER:N	1.86	0.73
1:A:852:ALA:HB1	1:A:918:ILE:HG12	1.71	0.73
1:A:749:PHE:HD1	1:A:767:ALA:HA	1.53	0.72
1:A:356:THR:HG23	1:A:357:PRO:HD2	1.69	0.72
1:A:92:PHE:CE1	1:A:132:ILE:HD11	2.25	0.72
1:A:930:ILE:HA	1:A:933:ILE:HG23	1.71	0.71
1:A:589:PHE:CZ	1:A:645:VAL:HB	2.24	0.71
1:A:773:TYR:HB3	1:A:776:PHE:CE1	2.25	0.71
1:A:386:ALA:HB3	1:A:415:ILE:HG12	1.71	0.71
1:A:583:ILE:HD11	1:A:652:ALA:C	2.15	0.71
1:A:436:MET:HA	1:A:436:MET:HE2	1.73	0.71
1:A:361:TYR:CZ	1:A:480:LEU:HB3	2.24	0.71
1:A:967:VAL:HG22	1:A:1055:ILE:HB	1.72	0.71
1:A:991:GLU:O	1:A:993:LEU:N	2.23	0.71
1:A:388:LEU:HB3	1:A:417:VAL:HG22	1.71	0.71
1:A:628:LEU:HB3	1:A:632:VAL:HG13	1.71	0.71
1:A:166:VAL:HA	1:A:169:ILE:CG2	2.21	0.70
1:A:113:ALA:HA	1:A:116:GLU:HB2	1.72	0.70
1:A:307:HIS:CD2	1:A:391:ALA:H	2.09	0.70
1:A:466:ASP:OD2	1:A:469:TRP:HD1	1.74	0.70

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:926:PHE:HB3	1:A:996:LEU:HD21	1.71	0.70
1:A:1151:GLN:H	1:A:1151:GLN:NE2	1.90	0.70
1:A:96:VAL:HG22	1:A:111:LEU:HD12	1.74	0.70
1:A:837:PRO:CG	1:A:992:VAL:HG11	2.20	0.70
1:A:967:VAL:CG2	1:A:1055:ILE:HB	2.22	0.70
1:A:988:GLY:O	1:A:992:VAL:HG12	1.92	0.70
1:A:779:GLY:C	1:A:781:ASP:H	2.00	0.69
1:A:1021:TYR:C	1:A:1021:TYR:HD1	2.00	0.69
1:A:133:ARG:HG2	1:A:134:ARG:N	1.97	0.69
1:A:221:LYS:O	1:A:224:THR:HG23	1.91	0.69
1:A:598:LYS:HE3	1:A:604:HIS:HB2	1.74	0.69
1:A:1189:THR:HG22	1:A:1190:ASP:O	1.92	0.69
1:A:502:VAL:HG13	1:A:512:VAL:HG12	1.72	0.69
1:A:853:THR:CG2	1:A:866:LYS:HE2	2.22	0.69
1:A:991:GLU:C	1:A:993:LEU:N	2.50	0.68
1:A:417:VAL:HB	1:A:454:ILE:HD13	1.75	0.68
1:A:111:LEU:HD23	1:A:111:LEU:H	1.58	0.68
1:A:158:ALA:HA	1:A:253:VAL:HA	1.75	0.68
1:A:627:GLU:HG3	1:A:644:VAL:HB	1.76	0.68
1:A:199:LEU:HA	1:A:216:VAL:HG21	1.75	0.68
1:A:1021:TYR:C	1:A:1021:TYR:CD1	2.71	0.68
1:A:361:TYR:OH	1:A:480:LEU:HB3	1.93	0.68
1:A:754:ASP:O	1:A:755:GLY:O	2.12	0.68
1:A:900:PHE:HE2	1:A:1008:VAL:HG12	1.56	0.68
1:A:610:GLY:H	1:A:1181:TRP:HE1	1.42	0.68
1:A:132:ILE:HD12	1:A:132:ILE:H	1.59	0.68
1:A:864:SER:HB2	1:A:1202:SER:HA	1.75	0.68
1:A:930:ILE:CD1	1:A:1021:TYR:HD2	2.03	0.68
1:A:276:VAL:HG21	1:A:313:THR:HG23	1.75	0.68
1:A:169:ILE:CD1	1:A:229:LEU:HD21	2.24	0.67
1:A:234:PHE:HZ	1:A:236:MET:HE3	1.58	0.67
1:A:400:THR:O	1:A:404:ILE:HG13	1.95	0.67
1:A:945:LEU:O	1:A:1051:TYR:HE1	1.77	0.67
1:A:356:THR:HG22	1:A:358:THR:H	1.60	0.67
1:A:783:GLU:O	1:A:786:ALA:HB3	1.95	0.67
1:A:172:HIS:O	1:A:176:SER:HB2	1.95	0.67
1:A:591:SER:HB2	1:A:672:VAL:O	1.95	0.67
1:A:1030:PHE:HE2	1:A:1074:PHE:CE1	2.13	0.67
1:A:618:ARG:NH1	1:A:652:ALA:O	2.28	0.66
1:A:574:GLY:HA2	1:A:619:THR:CG2	2.24	0.66
1:A:717:ILE:HD13	1:A:717:ILE:O	1.95	0.66

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:724:ALA:HB1	1:A:1106:ILE:HG21	1.76	0.66
1:A:589:PHE:CE1	1:A:645:VAL:HB	2.29	0.66
1:A:442:LEU:HD12	1:A:452:THR:HG21	1.78	0.66
1:A:503:PHE:CE2	1:A:1203:TYR:HA	2.30	0.66
1:A:836:VAL:HG23	1:A:988:GLY:C	2.21	0.65
1:A:199:LEU:HD23	1:A:199:LEU:O	1.97	0.65
1:A:523:VAL:HA	1:A:540:CYS:SG	2.35	0.65
1:A:596:LEU:HD12	1:A:668:VAL:HA	1.77	0.65
1:A:1096:TYR:O	1:A:1099:VAL:HG22	1.95	0.65
1:A:530:VAL:HG21	1:A:585:PRO:HD3	1.77	0.65
1:A:399:GLN:HE21	1:A:399:GLN:N	1.86	0.65
1:A:181:ILE:HG13	1:A:253:VAL:HG23	1.77	0.65
1:A:229:LEU:HD23	1:A:229:LEU:O	1.97	0.65
1:A:199:LEU:HD23	1:A:203:MET:HG3	1.77	0.65
1:A:741:ASN:HD22	1:A:742:SER:H	1.44	0.65
1:A:369:HIS:CE1	1:A:406:LEU:HD23	2.32	0.64
1:A:544:GLU:CB	1:A:549:LEU:HG	2.24	0.64
1:A:1050:VAL:CG1	1:A:1051:TYR:N	2.59	0.64
1:A:1151:GLN:HE21	1:A:1151:GLN:N	1.95	0.64
1:A:194:GLU:HA	1:A:197:VAL:HG12	1.77	0.64
1:A:806:ARG:N	1:A:807:PRO:HD2	2.05	0.64
1:A:725:LEU:O	1:A:725:LEU:HD12	1.96	0.64
1:A:195:TYR:CZ	1:A:199:LEU:HD12	2.32	0.64
1:A:471:ALA:HA	1:A:474:LEU:HD13	1.80	0.64
1:A:229:LEU:O	1:A:242:VAL:HB	1.97	0.64
1:A:617:PHE:O	1:A:618:ARG:HG2	1.97	0.64
1:A:1050:VAL:HG22	1:A:1055:ILE:HA	1.79	0.64
1:A:221:LYS:HD3	1:A:222:LYS:HG2	1.80	0.64
1:A:606:PRO:HA	1:A:637:PRO:HD3	1.80	0.64
1:A:1035:ARG:HG3	1:A:1048:VAL:CG1	2.27	0.64
1:A:505:ILE:HD12	1:A:1200:LEU:HD23	1.80	0.64
1:A:852:ALA:CB	1:A:918:ILE:HG12	2.27	0.64
1:A:980:LEU:HD13	1:A:1072:VAL:HB	1.78	0.64
1:A:86:ASP:HA	1:A:402:GLU:CD	2.23	0.63
1:A:66:ILE:HG22	1:A:71:GLY:HA3	1.80	0.63
1:A:1047:GLU:OE2	1:A:1047:GLU:HA	1.97	0.63
1:A:989:TRP:O	1:A:991:GLU:N	2.31	0.63
1:A:784:ALA:O	1:A:788:GLU:HG3	1.97	0.63
1:A:836:VAL:CG2	1:A:837:PRO:HD2	2.28	0.63
1:A:968:ASP:N	1:A:1081:THR:HG22	2.13	0.63
1:A:234:PHE:CZ	1:A:236:MET:HE3	2.33	0.63

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1157:ILE:HG12	1:A:1165:ALA:HB3	1.81	0.63
1:A:732:LEU:HD12	1:A:739:PRO:HA	1.80	0.63
1:A:1129:ILE:O	1:A:1129:ILE:HG22	1.98	0.63
1:A:125:LYS:HZ2	1:A:125:LYS:HB3	1.64	0.62
1:A:530:VAL:CG2	1:A:585:PRO:HD3	2.29	0.62
1:A:75:GLU:O	1:A:75:GLU:HG3	1.97	0.62
1:A:477:ALA:HA	1:A:480:LEU:HD22	1.80	0.62
1:A:1110:ILE:CD1	1:A:1116:LEU:HA	2.29	0.62
1:A:62:ILE:HG13	1:A:261:VAL:CG2	2.30	0.62
1:A:775:ASP:OD2	1:A:1109:ARG:HD3	2.00	0.62
1:A:1057:LEU:CD1	1:A:1065:LEU:HD22	2.29	0.62
1:A:955:ALA:O	1:A:1088:ARG:HB2	1.99	0.62
1:A:390:VAL:HG22	1:A:419:LEU:HD12	1.82	0.61
1:A:72:ILE:HG12	1:A:73:ILE:N	2.15	0.61
1:A:863:PRO:HB2	1:A:1205:TYR:CD2	2.35	0.61
1:A:9:VAL:CG2	1:A:430:LEU:HD21	2.31	0.61
1:A:158:ALA:HB2	1:A:253:VAL:HG12	1.82	0.61
1:A:541:THR:HG21	1:A:564:ARG:HB3	1.83	0.61
1:A:655:ASP:HA	1:A:673:VAL:HG23	1.82	0.61
1:A:745:GLU:O	1:A:747:ILE:N	2.33	0.61
1:A:904:VAL:HG23	1:A:916:ILE:HG22	1.82	0.61
1:A:878:LEU:O	1:A:881:VAL:HG13	2.01	0.61
1:A:1133:TRP:HB3	1:A:1138:HIS:HB2	1.83	0.61
1:A:1173:ASN:HD22	1:A:1175:PHE:H	1.49	0.61
1:A:865:PHE:HA	1:A:868:ALA:HB3	1.82	0.61
1:A:221:LYS:NZ	1:A:222:LYS:HE2	2.15	0.61
1:A:941:TRP:HZ3	1:A:1032:SER:N	1.98	0.61
1:A:181:ILE:HD13	1:A:182:LYS:HD2	1.82	0.61
1:A:365:ASP:O	1:A:367:PRO:HD3	2.00	0.61
1:A:515:ARG:HB2	1:A:558:ASN:ND2	2.16	0.61
1:A:1234:ALA:HB3	1:A:1236:ASP:OD2	2.01	0.61
1:A:92:PHE:CZ	1:A:132:ILE:HD11	2.36	0.60
1:A:120:VAL:HA	1:A:123:VAL:HG12	1.82	0.60
1:A:529:ILE:HD12	1:A:571:ILE:HG12	1.83	0.60
1:A:746:CYS:HB3	1:A:770:MET:HB3	1.83	0.60
1:A:284:HIS:CE1	1:A:318:THR:HG22	2.35	0.60
1:A:642:LYS:HZ2	1:A:642:LYS:HB3	1.65	0.60
1:A:1019:ASN:O	1:A:1021:TYR:N	2.34	0.60
1:A:1176:ALA:HB2	1:A:1185:VAL:HG23	1.83	0.60
1:A:824:MET:HE1	1:A:1040:ILE:HD11	1.81	0.60
1:A:836:VAL:HG23	1:A:988:GLY:O	2.02	0.60

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1093:LYS:HB3	1:A:1095:TYR:CE2	2.36	0.60
1:A:167:LYS:O	1:A:171:MET:HG3	2.01	0.60
1:A:407:GLY:O	1:A:412:VAL:HG12	2.01	0.60
1:A:1118:LEU:O	1:A:1121:ASN:N	2.33	0.60
1:A:1173:ASN:ND2	1:A:1175:PHE:H	1.99	0.60
1:A:769:ILE:HG23	1:A:770:MET:N	2.16	0.60
1:A:899:PRO:O	1:A:999:PRO:HD2	2.00	0.60
1:A:1121:ASN:HD21	1:A:1167:VAL:N	1.92	0.60
1:A:434:VAL:O	1:A:438:VAL:HG12	2.01	0.60
1:A:532:ILE:HD12	1:A:572:GLU:HB2	1.82	0.60
1:A:1055:ILE:O	1:A:1056:ILE:HD12	2.01	0.60
1:A:1047:GLU:HB3	1:A:1058:PRO:HD3	1.84	0.59
1:A:134:ARG:HH21	1:A:134:ARG:CG	2.15	0.59
1:A:503:PHE:CD1	1:A:1203:TYR:HD2	2.20	0.59
1:A:208:PRO:O	1:A:209:LYS:C	2.45	0.59
1:A:782:THR:OG1	1:A:783:GLU:N	2.35	0.59
1:A:898:SER:OG	1:A:899:PRO:HD2	2.02	0.59
1:A:836:VAL:HG22	1:A:837:PRO:HD2	1.83	0.59
1:A:1121:ASN:O	1:A:1124:TYR:HB3	2.02	0.59
1:A:1055:ILE:C	1:A:1056:ILE:HD12	2.28	0.59
1:A:1112:SER:O	1:A:1115:ASP:HB2	2.03	0.59
1:A:63:LYS:O	1:A:73:ILE:HA	2.02	0.59
1:A:425:VAL:HG12	1:A:427:ASP:O	2.03	0.59
1:A:159:LYS:H	1:A:254:THR:HG22	1.67	0.59
1:A:199:LEU:O	1:A:203:MET:HB2	2.03	0.59
1:A:627:GLU:CG	1:A:644:VAL:HB	2.32	0.58
1:A:805:TYR:O	1:A:806:ARG:HB3	2.02	0.58
1:A:38:ILE:HD12	1:A:39:GLU:N	2.18	0.58
1:A:863:PRO:HB2	1:A:1205:TYR:CE2	2.38	0.58
1:A:1085:GLY:C	1:A:1087:PHE:H	2.11	0.58
1:A:215:MET:HE3	1:A:1132:VAL:HG12	1.86	0.58
1:A:168:HIS:HA	1:A:171:MET:HE2	1.84	0.58
1:A:272:PHE:CE1	1:A:310:THR:HG22	2.33	0.58
1:A:586:HIS:HB2	1:A:653:MET:HE2	1.85	0.58
1:A:75:GLU:HG2	1:A:134:ARG:NH2	2.19	0.58
1:A:1263:SER:O	1:A:1264:ARG:CB	2.52	0.58
1:A:945:LEU:HD23	1:A:1051:TYR:CD1	2.39	0.57
1:A:861:GLY:O	1:A:866:LYS:NZ	2.28	0.57
1:A:1019:ASN:HB3	1:A:1022:THR:HB	1.85	0.57
1:A:400:THR:HG22	1:A:441:LEU:HD13	1.84	0.57
1:A:783:GLU:OE1	1:A:905:THR:HG21	2.04	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:250:ASN:H	1:A:250:ASN:ND2	2.02	0.57
1:A:365:ASP:C	1:A:367:PRO:HD3	2.28	0.57
1:A:801:ASN:OD1	1:A:977:SER:HB2	2.04	0.57
1:A:938:LEU:HD11	1:A:1028:LEU:HB2	1.87	0.57
1:A:954:ARG:HH11	1:A:1049:THR:CG2	2.18	0.57
1:A:1157:ILE:HG22	1:A:1185:VAL:HG11	1.87	0.57
1:A:408:ARG:O	1:A:408:ARG:HD3	2.04	0.57
1:A:592:GLU:HG2	1:A:642:LYS:HG2	1.85	0.57
1:A:734:ALA:O	1:A:1136:ARG:HG2	2.05	0.57
1:A:829:ILE:CD1	1:A:984:LEU:HB3	2.35	0.57
1:A:954:ARG:HH11	1:A:1049:THR:HG22	1.70	0.57
1:A:1150:LYS:O	1:A:1152:LEU:N	2.37	0.57
1:A:221:LYS:HZ3	1:A:222:LYS:HE2	1.70	0.57
1:A:55:ASN:HB2	1:A:79:GLN:HE22	1.70	0.57
1:A:945:LEU:HD21	1:A:1051:TYR:HA	1.87	0.57
1:A:930:ILE:HA	1:A:933:ILE:CG2	2.35	0.56
1:A:74:LEU:HB3	1:A:135:VAL:HG23	1.87	0.56
1:A:722:ASN:HB3	1:A:725:LEU:HB3	1.87	0.56
1:A:924:MET:HG2	1:A:927:GLN:OE1	2.05	0.56
1:A:304:HIS:ND1	1:A:397:MET:HG3	2.21	0.56
1:A:662:ARG:HD2	1:A:667:THR:HG23	1.88	0.56
1:A:72:ILE:HG13	1:A:137:ALA:HB2	1.87	0.56
1:A:227:VAL:HG22	1:A:227:VAL:O	2.05	0.56
1:A:1030:PHE:CE2	1:A:1074:PHE:CE1	2.93	0.56
1:A:533:LYS:O	1:A:534:GLU:C	2.48	0.56
1:A:641:ILE:HD13	1:A:642:LYS:N	2.20	0.56
1:A:1143:LYS:HE2	1:A:1144:TYR:CE1	2.41	0.56
1:A:83:VAL:HG21	1:A:128:GLU:CD	2.30	0.56
1:A:404:ILE:CD1	1:A:441:LEU:HB3	2.36	0.56
1:A:596:LEU:HB2	1:A:602:GLY:HA3	1.87	0.56
1:A:12:LEU:HD21	1:A:23:CYS:O	2.05	0.56
1:A:60:GLY:O	1:A:261:VAL:HG11	2.05	0.56
1:A:65:LYS:HG3	1:A:97:LEU:HD11	1.87	0.56
1:A:250:ASN:ND2	1:A:250:ASN:N	2.53	0.56
1:A:399:GLN:H	1:A:399:GLN:NE2	1.90	0.56
1:A:593:VAL:HG22	1:A:641:ILE:HG22	1.87	0.56
1:A:870:PRO:O	1:A:895:SER:HB3	2.04	0.56
1:A:806:ARG:H	1:A:807:PRO:CD	2.11	0.56
1:A:169:ILE:HD11	1:A:229:LEU:HD21	1.89	0.55
1:A:1037:VAL:HG21	1:A:1065:LEU:HD12	1.88	0.55
1:A:194:GLU:OE2	1:A:198:GLN:HG3	2.05	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1021:TYR:HD1	1:A:1022:THR:N	2.04	0.55
1:A:301:THR:HA	1:A:387:ILE:HG23	1.89	0.55
1:A:307:HIS:HD2	1:A:391:ALA:H	1.54	0.55
1:A:839:VAL:HG12	1:A:843:LEU:HD23	1.87	0.55
1:A:945:LEU:CD2	1:A:1051:TYR:HA	2.37	0.55
1:A:300:GLY:HA3	1:A:383:MET:SD	2.47	0.55
1:A:1093:LYS:HB3	1:A:1095:TYR:HE2	1.70	0.55
1:A:648:ILE:HG13	1:A:649:HIS:CD2	2.42	0.55
1:A:877:ALA:O	1:A:878:LEU:C	2.50	0.55
1:A:991:GLU:O	1:A:994:MET:N	2.39	0.55
1:A:774:ASP:OD2	1:A:1108:HIS:ND1	2.31	0.55
1:A:829:ILE:HD13	1:A:984:LEU:HB3	1.88	0.55
1:A:916:ILE:HG12	1:A:917:ALA:H	1.72	0.55
1:A:1150:LYS:HD2	1:A:1150:LYS:N	2.21	0.55
1:A:290:PHE:N	1:A:292:ARG:CZ	2.70	0.55
1:A:945:LEU:O	1:A:1051:TYR:CE1	2.59	0.55
1:A:523:VAL:HG22	1:A:551:ASP:O	2.06	0.55
1:A:1022:THR:O	1:A:1026:GLU:HG2	2.06	0.55
1:A:1158:PRO:O	1:A:1167:VAL:HG13	2.06	0.55
1:A:232:GLN:O	1:A:242:VAL:HG23	2.07	0.55
1:A:1182:ILE:HD11	1:A:1260:ALA:HB1	1.90	0.55
1:A:30:ALA:C	1:A:32:GLY:H	2.15	0.54
1:A:374:LYS:HE3	1:A:594:TYR:CE2	2.41	0.54
1:A:864:SER:HB2	1:A:1202:SER:CA	2.37	0.54
1:A:166:VAL:HA	1:A:169:ILE:HG22	1.89	0.54
1:A:746:CYS:HB3	1:A:770:MET:CB	2.36	0.54
1:A:808:ASP:O	1:A:808:ASP:OD2	2.24	0.54
1:A:117:GLU:O	1:A:120:VAL:HG22	2.07	0.54
1:A:82:PHE:HE1	1:A:406:LEU:HB2	1.72	0.54
1:A:523:VAL:HG13	1:A:551:ASP:O	2.07	0.54
1:A:234:PHE:CE1	1:A:236:MET:HB2	2.42	0.54
1:A:103:GLY:O	1:A:105:ILE:HG13	2.08	0.54
1:A:387:ILE:HG23	1:A:387:ILE:O	2.08	0.54
1:A:467:ALA:HA	1:A:470:GLU:HB2	1.89	0.54
1:A:731:LEU:HA	1:A:1140:VAL:HG21	1.90	0.54
1:A:1100:ASP:CG	1:A:1102:THR:HG23	2.33	0.54
1:A:1121:ASN:CG	1:A:1167:VAL:HG23	2.33	0.54
1:A:982:GLU:HB3	1:A:990:PHE:CD1	2.43	0.54
1:A:1151:GLN:HB3	1:A:1175:PHE:CZ	2.43	0.54
1:A:629:PRO:HG2	1:A:632:VAL:HG12	1.89	0.53
1:A:809:TYR:C	1:A:811:GLU:H	2.16	0.53

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1096:TYR:HB2	1:A:1101:VAL:HG11	1.89	0.53
1:A:300:GLY:O	1:A:387:ILE:HG22	2.07	0.53
1:A:700:SER:N	1:A:1179:ARG:HG3	2.23	0.53
1:A:801:ASN:HA	1:A:979:ALA:CB	2.34	0.53
1:A:1034:ALA:HB3	1:A:1048:VAL:HG21	1.89	0.53
1:A:56:VAL:HG11	1:A:267:LYS:HD3	1.91	0.53
1:A:729:ASN:HD21	1:A:740:PHE:HB2	1.72	0.53
1:A:1128:THR:HG22	1:A:1130:ASP:H	1.73	0.53
1:A:183:PRO:HD3	1:A:230:THR:CB	2.39	0.53
1:A:387:ILE:HA	1:A:416:ILE:O	2.09	0.53
1:A:75:GLU:HG2	1:A:134:ARG:HH22	1.74	0.53
1:A:198:GLN:CA	1:A:201:ILE:HG12	2.26	0.53
1:A:820:SER:O	1:A:824:MET:HE3	2.09	0.53
1:A:1118:LEU:O	1:A:1119:VAL:C	2.51	0.53
1:A:1208:PHE:O	1:A:1211:CYS:HB3	2.09	0.53
1:A:384:ASP:O	1:A:413:PRO:HG2	2.09	0.53
1:A:494:PRO:O	1:A:495:PHE:O	2.27	0.53
1:A:731:LEU:HD21	1:A:1123:LEU:HD11	1.90	0.53
1:A:1021:TYR:C	1:A:1023:PHE:H	2.17	0.53
1:A:1040:ILE:HG22	1:A:1040:ILE:O	2.09	0.53
1:A:1183:ARG:HG2	1:A:1183:ARG:O	2.09	0.53
1:A:155:LEU:O	1:A:257:ILE:N	2.40	0.53
1:A:804:LEU:HB2	1:A:979:ALA:HB1	1.91	0.53
1:A:848:PHE:O	1:A:849:SER:CB	2.56	0.53
1:A:922:TRP:O	1:A:926:PHE:HD2	1.92	0.53
1:A:229:LEU:CD2	1:A:242:VAL:HG11	2.39	0.52
1:A:372:TYR:O	1:A:373:VAL:C	2.52	0.52
1:A:732:LEU:CD1	1:A:739:PRO:HA	2.38	0.52
1:A:762:ILE:CG2	1:A:763:ASN:N	2.73	0.52
1:A:900:PHE:CE2	1:A:1008:VAL:HG12	2.40	0.52
1:A:938:LEU:HD21	1:A:1028:LEU:N	2.23	0.52
1:A:1017:MET:HA	1:A:1022:THR:HG21	1.91	0.52
1:A:152:ILE:HB	1:A:260:GLU:HG3	1.90	0.52
1:A:401:ARG:HB2	1:A:445:TYR:OH	2.10	0.52
1:A:245:LEU:O	1:A:245:LEU:HD22	2.09	0.52
1:A:250:ASN:N	1:A:250:ASN:HD22	2.06	0.52
1:A:126:ILE:O	1:A:397:MET:HE2	2.08	0.52
1:A:973:SER:HA	1:A:976:ILE:HD11	1.91	0.52
1:A:105:ILE:CG2	1:A:110:VAL:HB	2.39	0.52
1:A:634:MET:HG2	1:A:635:VAL:N	2.24	0.52
1:A:842:MET:HE1	1:A:930:ILE:HG22	1.90	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:63:LYS:HB3	1:A:97:LEU:HG	1.90	0.52
1:A:833:ILE:CG2	1:A:989:TRP:CE2	2.93	0.52
1:A:965:ALA:CB	1:A:1083:SER:HA	2.39	0.52
1:A:160:GLY:O	1:A:251:ALA:HB2	2.09	0.52
1:A:356:THR:HG21	1:A:481:ASP:CG	2.35	0.52
1:A:115:PHE:O	1:A:117:GLU:N	2.43	0.51
1:A:133:ARG:HD3	1:A:134:ARG:HG2	1.92	0.51
1:A:864:SER:O	1:A:868:ALA:HB2	2.10	0.51
1:A:905:THR:CG2	1:A:905:THR:O	2.58	0.51
1:A:968:ASP:H	1:A:1081:THR:CG2	2.19	0.51
1:A:1041:LEU:HB2	1:A:1043:LEU:CD1	2.40	0.51
1:A:9:VAL:HG21	1:A:430:LEU:HD21	1.92	0.51
1:A:48:LYS:HE2	1:A:124:ALA:HA	1.93	0.51
1:A:204:GLN:C	1:A:206:GLY:H	2.18	0.51
1:A:495:PHE:HA	1:A:518:ARG:O	2.10	0.51
1:A:589:PHE:CD2	1:A:653:MET:HE1	2.46	0.51
1:A:875:PRO:HG2	1:A:876:ARG:H	1.75	0.51
1:A:97:LEU:O	1:A:101:VAL:HG23	2.10	0.51
1:A:174:ALA:O	1:A:258:ARG:NH1	2.44	0.51
1:A:374:LYS:HE3	1:A:594:TYR:CZ	2.46	0.51
1:A:662:ARG:HD2	1:A:667:THR:CG2	2.40	0.51
1:A:837:PRO:C	1:A:838:SER:O	2.54	0.51
1:A:874:THR:HB	1:A:923:ASN:HD21	1.75	0.51
1:A:1078:THR:HG23	1:A:1079:LYS:HE3	1.91	0.51
1:A:1157:ILE:CD1	1:A:1165:ALA:HB3	2.41	0.51
1:A:111:LEU:HA	1:A:114:GLN:HB3	1.92	0.51
1:A:610:GLY:C	1:A:1181:TRP:HD1	2.18	0.51
1:A:1110:ILE:CD1	1:A:1116:LEU:HD23	2.40	0.51
1:A:1128:THR:HG21	1:A:1131:GLY:H	1.75	0.51
1:A:1196:GLU:O	1:A:1196:GLU:HG3	2.11	0.51
1:A:927:GLN:O	1:A:1021:TYR:HB3	2.11	0.51
1:A:558:ASN:HB2	1:A:1214:GLU:OE1	2.11	0.51
1:A:154:VAL:HG21	1:A:170:ALA:O	2.11	0.51
1:A:1048:VAL:HG13	1:A:1048:VAL:O	2.10	0.51
1:A:1189:THR:HG22	1:A:1190:ASP:N	2.26	0.51
1:A:161:ALA:HB2	1:A:251:ALA:CB	2.42	0.50
1:A:878:LEU:O	1:A:879:LYS:C	2.54	0.50
1:A:1143:LYS:HG2	1:A:1144:TYR:CD1	2.46	0.50
1:A:760:PHE:O	1:A:763:ASN:N	2.45	0.50
1:A:1247:ILE:HG22	1:A:1248:SER:N	2.26	0.50
1:A:183:PRO:HD3	1:A:230:THR:HB	1.93	0.50

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:735:TYR:CD1	1:A:1136:ARG:HD2	2.46	0.50
1:A:1030:PHE:HB3	1:A:1055:ILE:HD11	1.94	0.50
1:A:1182:ILE:HG13	1:A:1184:TYR:CE2	2.46	0.50
1:A:172:HIS:C	1:A:172:HIS:CD2	2.89	0.50
1:A:502:VAL:HG11	1:A:571:ILE:HB	1.94	0.50
1:A:611:TYR:HB3	1:A:626:ILE:CG1	2.40	0.50
1:A:67:ASP:O	1:A:69:ASN:N	2.44	0.50
1:A:149:GLY:O	1:A:150:ALA:HB2	2.11	0.50
1:A:312:LEU:HA	1:A:459:ALA:HB1	1.92	0.50
1:A:447:PHE:O	1:A:449:GLY:N	2.45	0.50
1:A:837:PRO:HD3	1:A:989:TRP:CD2	2.47	0.50
1:A:1050:VAL:HG13	1:A:1051:TYR:H	1.76	0.50
1:A:202:ALA:HB1	1:A:207:LYS:CD	2.28	0.50
1:A:272:PHE:CZ	1:A:313:THR:HG21	2.46	0.50
1:A:704:SER:C	1:A:708:GLN:HB2	2.36	0.50
1:A:740:PHE:CE2	1:A:746:CYS:HA	2.47	0.50
1:A:806:ARG:NH1	1:A:806:ARG:HG2	2.25	0.50
1:A:990:PHE:CD2	1:A:990:PHE:O	2.64	0.50
1:A:1048:VAL:CG1	1:A:1048:VAL:O	2.60	0.50
1:A:161:ALA:HB2	1:A:251:ALA:HB2	1.94	0.50
1:A:588:LYS:HB2	1:A:679:GLY:HA2	1.94	0.50
1:A:610:GLY:C	1:A:1181:TRP:CD1	2.89	0.50
1:A:960:VAL:HG22	1:A:961:THR:N	2.26	0.50
1:A:1173:ASN:HD22	1:A:1175:PHE:N	2.09	0.50
1:A:743:GLU:CB	1:A:778:LEU:HD22	2.36	0.50
1:A:779:GLY:C	1:A:781:ASP:N	2.68	0.50
1:A:187:SER:O	1:A:190:VAL:HG12	2.12	0.49
1:A:617:PHE:C	1:A:618:ARG:HG2	2.37	0.49
1:A:711:ARG:O	1:A:712:ALA:C	2.55	0.49
1:A:727:ILE:HG12	1:A:1144:TYR:CD2	2.47	0.49
1:A:806:ARG:N	1:A:807:PRO:CD	2.73	0.49
1:A:1122:ASN:ND2	1:A:1125:ARG:HH21	2.09	0.49
1:A:613:PRO:HG2	1:A:615:PHE:CE2	2.47	0.49
1:A:845:HIS:CE1	1:A:932:GLY:O	2.65	0.49
1:A:968:ASP:O	1:A:969:LEU:HD23	2.11	0.49
1:A:195:TYR:O	1:A:199:LEU:HB2	2.12	0.49
1:A:818:GLY:O	1:A:819:GLU:C	2.55	0.49
1:A:937:ARG:C	1:A:939:ARG:H	2.20	0.49
1:A:1015:SER:OG	1:A:1022:THR:HB	2.12	0.49
1:A:1150:LYS:C	1:A:1152:LEU:N	2.70	0.49
1:A:804:LEU:CB	1:A:979:ALA:HB1	2.43	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:460:LEU:HD13	1:A:463:LEU:HD12	1.94	0.49
1:A:1100:ASP:OD1	1:A:1100:ASP:C	2.55	0.49
1:A:105:ILE:HG21	1:A:111:LEU:HD22	1.93	0.49
1:A:166:VAL:HA	1:A:169:ILE:HG23	1.94	0.49
1:A:400:THR:HA	1:A:403:HIS:CD2	2.48	0.49
1:A:503:PHE:CD1	1:A:503:PHE:N	2.80	0.49
1:A:777:SER:O	1:A:778:LEU:C	2.55	0.49
1:A:793:ALA:O	1:A:797:CYS:HB2	2.12	0.49
1:A:952:GLN:HB3	1:A:1093:LYS:HB2	1.95	0.49
1:A:989:TRP:C	1:A:991:GLU:N	2.71	0.49
1:A:1014:ILE:O	1:A:1015:SER:HB2	2.11	0.49
1:A:1121:ASN:OD1	1:A:1167:VAL:HG23	2.13	0.49
1:A:1249:ARG:NH1	1:A:1251:THR:HG22	2.28	0.49
1:A:614:GLN:HE22	1:A:664:GLY:H	1.61	0.49
1:A:737:GLN:O	1:A:738:SER:C	2.55	0.49
1:A:809:TYR:CZ	1:A:814:ASN:O	2.66	0.49
1:A:857:ASN:O	1:A:858:ARG:C	2.56	0.49
1:A:888:THR:HG21	1:A:892:ILE:HD11	1.95	0.49
1:A:9:VAL:HG12	1:A:27:LEU:CD2	2.43	0.49
1:A:49:ALA:CB	1:A:123:VAL:HG11	2.35	0.49
1:A:187:SER:HB3	1:A:190:VAL:HB	1.94	0.49
1:A:406:LEU:O	1:A:410:VAL:HG12	2.13	0.49
1:A:617:PHE:C	1:A:619:THR:H	2.21	0.49
1:A:1032:SER:OG	1:A:1033:LEU:N	2.43	0.49
1:A:37:ALA:O	1:A:41:MET:HG3	2.12	0.49
1:A:76:VAL:HG22	1:A:89:PHE:CZ	2.48	0.49
1:A:181:ILE:O	1:A:181:ILE:HG12	2.13	0.49
1:A:790:PHE:C	1:A:790:PHE:CD1	2.91	0.49
1:A:982:GLU:HB3	1:A:990:PHE:CE1	2.48	0.49
1:A:140:GLY:HA3	1:A:157:ALA:HB1	1.94	0.48
1:A:187:SER:HB3	1:A:190:VAL:CG1	2.43	0.48
1:A:749:PHE:CD1	1:A:766:LYS:HG2	2.46	0.48
1:A:168:HIS:CG	1:A:236:MET:HE1	2.48	0.48
1:A:848:PHE:HD2	1:A:867:PHE:CE1	2.31	0.48
1:A:848:PHE:HD2	1:A:867:PHE:CZ	2.30	0.48
1:A:13:ARG:NH1	1:A:394:ASP:O	2.45	0.48
1:A:617:PHE:O	1:A:619:THR:N	2.44	0.48
1:A:768:GLU:O	1:A:770:MET:N	2.46	0.48
1:A:822:ILE:HD12	1:A:983:LEU:HB3	1.95	0.48
1:A:1157:ILE:O	1:A:1158:PRO:O	2.32	0.48
1:A:558:ASN:HB3	1:A:1210:ARG:CG	2.43	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1088:ARG:HA	1:A:1088:ARG:HD3	1.72	0.48
1:A:1118:LEU:HD11	1:A:1122:ASN:OD1	2.13	0.48
1:A:869:LEU:H	1:A:869:LEU:HD22	1.79	0.48
1:A:957:GLU:O	1:A:961:THR:HB	2.13	0.48
1:A:1021:TYR:CD1	1:A:1022:THR:N	2.81	0.48
1:A:1243:ASN:HB2	1:A:1244:PRO:HD2	1.96	0.48
1:A:521:ILE:HG23	1:A:521:ILE:O	2.14	0.48
1:A:583:ILE:HD11	1:A:653:MET:N	2.28	0.48
1:A:310:THR:HA	1:A:313:THR:HG22	1.95	0.48
1:A:461:LYS:O	1:A:466:ASP:HB3	2.14	0.48
1:A:522:LYS:O	1:A:525:GLU:HG3	2.13	0.48
1:A:1150:LYS:C	1:A:1152:LEU:H	2.22	0.48
1:A:13:ARG:NH1	1:A:395:GLY:HA3	2.29	0.48
1:A:324:TYR:CE2	1:A:357:PRO:HG3	2.49	0.48
1:A:593:VAL:HB	1:A:670:ALA:O	2.13	0.48
1:A:897:ILE:O	1:A:897:ILE:CG2	2.56	0.48
1:A:501:ASP:CG	1:A:1244:PRO:HB3	2.39	0.47
1:A:558:ASN:HB3	1:A:1210:ARG:HB3	1.95	0.47
1:A:906:VAL:HG13	1:A:914:ARG:HB3	1.96	0.47
1:A:80:THR:HG22	1:A:83:VAL:H	1.78	0.47
1:A:442:LEU:CD1	1:A:452:THR:HG21	2.45	0.47
1:A:558:ASN:HB3	1:A:1210:ARG:HG3	1.95	0.47
1:A:589:PHE:HD2	1:A:653:MET:HE1	1.78	0.47
1:A:764:TYR:OH	1:A:1094:HIS:CD2	2.66	0.47
1:A:731:LEU:HD21	1:A:1123:LEU:CD1	2.44	0.47
1:A:778:LEU:H	1:A:778:LEU:HD12	1.79	0.47
1:A:1057:LEU:HD23	1:A:1057:LEU:O	2.14	0.47
1:A:133:ARG:CG	1:A:134:ARG:H	2.07	0.47
1:A:204:GLN:C	1:A:206:GLY:N	2.73	0.47
1:A:409:GLN:C	1:A:411:GLY:H	2.22	0.47
1:A:625:THR:O	1:A:646:THR:HG23	2.14	0.47
1:A:1050:VAL:HG13	1:A:1051:TYR:N	2.27	0.47
1:A:295:PRO:HG2	1:A:359:ARG:HB3	1.96	0.47
1:A:818:GLY:HA3	1:A:1071:TYR:CD1	2.50	0.47
1:A:941:TRP:CE3	1:A:1035:ARG:HD2	2.49	0.47
1:A:198:GLN:HA	1:A:201:ILE:CG1	2.28	0.47
1:A:404:ILE:HD11	1:A:441:LEU:HB3	1.97	0.47
1:A:582:THR:HG22	1:A:583:ILE:HG22	1.96	0.47
1:A:749:PHE:HD1	1:A:767:ALA:CA	2.23	0.47
1:A:924:MET:HA	1:A:927:GLN:HB2	1.96	0.47
1:A:1004:PRO:C	1:A:1006:GLY:H	2.22	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1118:LEU:HD13	1:A:1163:ASP:OD1	2.14	0.47
1:A:1192:THR:HG22	1:A:1250:SER:CB	2.45	0.47
1:A:1243:ASN:CB	1:A:1244:PRO:HD2	2.44	0.47
1:A:125:LYS:HB3	1:A:125:LYS:NZ	2.24	0.47
1:A:301:THR:HG23	1:A:365:ASP:OD2	2.14	0.47
1:A:880:TYR:HB3	1:A:926:PHE:CE1	2.50	0.47
1:A:961:THR:HG22	1:A:963:ASN:H	1.79	0.47
1:A:769:ILE:CG2	1:A:770:MET:N	2.78	0.47
1:A:35:GLU:O	1:A:38:ILE:HG13	2.15	0.47
1:A:92:PHE:HE1	1:A:132:ILE:HD11	1.75	0.47
1:A:745:GLU:C	1:A:747:ILE:N	2.73	0.47
1:A:923:ASN:O	1:A:927:GLN:N	2.41	0.47
1:A:832:LEU:HD12	1:A:941:TRP:CE2	2.50	0.46
1:A:530:VAL:HG22	1:A:652:ALA:HB2	1.97	0.46
1:A:588:LYS:HG3	1:A:646:THR:HB	1.97	0.46
1:A:727:ILE:HG12	1:A:1144:TYR:CE2	2.50	0.46
1:A:892:ILE:HG23	1:A:922:TRP:CZ2	2.50	0.46
1:A:930:ILE:HD13	1:A:930:ILE:H	1.81	0.46
1:A:33:ASP:OD1	1:A:36:LEU:HB2	2.15	0.46
1:A:163:GLU:CD	1:A:163:GLU:H	2.23	0.46
1:A:208:PRO:HG2	1:A:211:ILE:CD1	2.32	0.46
1:A:848:PHE:O	1:A:849:SER:HB2	2.16	0.46
1:A:967:VAL:HA	1:A:1081:THR:HG22	1.97	0.46
1:A:1064:ALA:C	1:A:1066:ARG:N	2.70	0.46
1:A:1209:SER:O	1:A:1210:ARG:C	2.59	0.46
1:A:43:LYS:C	1:A:45:GLY:H	2.23	0.46
1:A:194:GLU:O	1:A:194:GLU:HG3	2.15	0.46
1:A:589:PHE:CD1	1:A:589:PHE:C	2.93	0.46
1:A:895:SER:O	1:A:896:ASP:O	2.32	0.46
1:A:979:ALA:O	1:A:983:LEU:HG	2.16	0.46
1:A:224:THR:O	1:A:225:GLY:C	2.59	0.46
1:A:749:PHE:CE2	1:A:766:LYS:HE2	2.51	0.46
1:A:987:PRO:HD2	1:A:988:GLY:H	1.81	0.46
1:A:1181:TRP:HA	1:A:1181:TRP:CE3	2.49	0.46
1:A:134:ARG:HG3	1:A:134:ARG:NH2	2.23	0.46
1:A:629:PRO:HD3	1:A:642:LYS:O	2.16	0.46
1:A:760:PHE:CE1	1:A:764:TYR:HB2	2.51	0.46
1:A:937:ARG:O	1:A:939:ARG:N	2.49	0.46
1:A:155:LEU:HD12	1:A:155:LEU:HA	1.57	0.46
1:A:500:GLU:HA	1:A:573:ARG:HG3	1.97	0.46
1:A:523:VAL:HG13	1:A:551:ASP:C	2.41	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:522:LYS:O	1:A:523:VAL:C	2.59	0.46
1:A:783:GLU:HB2	1:A:913:ASP:HB2	1.96	0.46
1:A:856:ASN:ND2	1:A:865:PHE:O	2.34	0.46
1:A:863:PRO:HA	1:A:866:LYS:HG3	1.97	0.46
1:A:878:LEU:O	1:A:881:VAL:CG1	2.64	0.46
1:A:56:VAL:CG1	1:A:267:LYS:HD3	2.46	0.46
1:A:228:SER:O	1:A:230:THR:N	2.49	0.46
1:A:399:GLN:O	1:A:399:GLN:HG2	2.16	0.46
1:A:756:THR:N	1:A:759:ASP:HB2	2.31	0.46
1:A:1128:THR:CG2	1:A:1131:GLY:H	2.29	0.46
1:A:23:CYS:O	1:A:27:LEU:HB2	2.16	0.45
1:A:756:THR:HG23	1:A:759:ASP:OD1	2.16	0.45
1:A:66:ILE:HA	1:A:71:GLY:HA2	1.98	0.45
1:A:96:VAL:CG2	1:A:111:LEU:HD12	2.45	0.45
1:A:455:VAL:CG1	1:A:475:GLU:HG2	2.46	0.45
1:A:986:PRO:HB2	1:A:989:TRP:HD1	1.80	0.45
1:A:992:VAL:O	1:A:992:VAL:CG2	2.64	0.45
1:A:409:GLN:C	1:A:411:GLY:N	2.72	0.45
1:A:745:GLU:C	1:A:747:ILE:H	2.23	0.45
1:A:836:VAL:HG22	1:A:837:PRO:CD	2.46	0.45
1:A:965:ALA:HB1	1:A:1083:SER:HA	1.99	0.45
1:A:1118:LEU:HG	1:A:1119:VAL:N	2.30	0.45
1:A:1172:ILE:O	1:A:1174:PRO:HD3	2.16	0.45
1:A:1239:ILE:H	1:A:1239:ILE:HG12	1.63	0.45
1:A:12:LEU:HD22	1:A:27:LEU:HD13	1.97	0.45
1:A:52:LYS:C	1:A:54:GLY:H	2.24	0.45
1:A:106:THR:HG23	1:A:107:ASP:H	1.81	0.45
1:A:992:VAL:O	1:A:992:VAL:HG22	2.17	0.45
1:A:1030:PHE:HE2	1:A:1074:PHE:CD1	2.34	0.45
1:A:1077:ASN:O	1:A:1081:THR:HG23	2.16	0.45
1:A:134:ARG:NH2	1:A:259:PHE:CD2	2.85	0.45
1:A:462:ALA:HB2	1:A:469:TRP:O	2.15	0.45
1:A:607:PHE:CD1	1:A:607:PHE:C	2.95	0.45
1:A:714:ASN:HD21	1:A:1254:PHE:H	1.64	0.45
1:A:1050:VAL:HG12	1:A:1051:TYR:N	2.30	0.45
1:A:1085:GLY:C	1:A:1087:PHE:N	2.75	0.45
1:A:5:THR:O	1:A:9:VAL:HG13	2.17	0.45
1:A:148:HIS:O	1:A:150:ALA:N	2.49	0.45
1:A:806:ARG:HG2	1:A:806:ARG:HH11	1.80	0.45
1:A:1074:PHE:N	1:A:1074:PHE:CD2	2.82	0.45
1:A:82:PHE:CE1	1:A:406:LEU:HB2	2.51	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:276:VAL:CG2	1:A:313:THR:HG23	2.46	0.45
1:A:302:ILE:CD1	1:A:366:CYS:HB2	2.37	0.45
1:A:323:THR:HG22	1:A:324:TYR:CE1	2.52	0.45
1:A:500:GLU:C	1:A:573:ARG:HG3	2.42	0.45
1:A:653:MET:HE3	1:A:676:VAL:HG12	1.99	0.45
1:A:845:HIS:O	1:A:929:GLY:HA2	2.16	0.45
1:A:990:PHE:CD2	1:A:990:PHE:C	2.94	0.45
1:A:998:SER:HA	1:A:999:PRO:HD3	1.41	0.45
1:A:1040:ILE:O	1:A:1040:ILE:CG2	2.65	0.45
1:A:1149:PRO:HB2	1:A:1152:LEU:HD22	1.99	0.45
1:A:663:GLU:O	1:A:664:GLY:C	2.60	0.45
1:A:989:TRP:O	1:A:990:PHE:C	2.60	0.45
1:A:1041:LEU:HB2	1:A:1043:LEU:HD12	1.99	0.45
1:A:1123:LEU:HD12	1:A:1123:LEU:HA	1.79	0.45
1:A:36:LEU:HD23	1:A:40:ASN:HD21	1.81	0.45
1:A:143:LEU:HB2	1:A:157:ALA:HA	1.97	0.45
1:A:291:GLU:HG3	1:A:294:LYS:HD2	1.98	0.45
1:A:372:TYR:CD1	1:A:372:TYR:C	2.94	0.45
1:A:504:SER:HB2	1:A:568:ARG:HG2	1.99	0.45
1:A:629:PRO:HG2	1:A:632:VAL:CG1	2.47	0.45
1:A:885:ARG:C	1:A:887:SER:H	2.25	0.45
1:A:24:LYS:O	1:A:24:LYS:HG3	2.17	0.45
1:A:100:ALA:O	1:A:104:LYS:HA	2.17	0.45
1:A:354:TYR:CE2	1:A:361:TYR:HB2	2.52	0.45
1:A:700:SER:N	1:A:1179:ARG:CG	2.80	0.45
1:A:934:LEU:CB	1:A:1024:GLU:HB3	2.47	0.45
1:A:49:ALA:HA	1:A:123:VAL:HG21	1.98	0.44
1:A:152:ILE:HG13	1:A:260:GLU:HG3	1.98	0.44
1:A:539:THR:HG23	1:A:564:ARG:HG2	1.99	0.44
1:A:969:LEU:HD23	1:A:969:LEU:HA	1.55	0.44
1:A:973:SER:HA	1:A:976:ILE:CD1	2.47	0.44
1:A:1150:LYS:O	1:A:1151:GLN:C	2.60	0.44
1:A:1180:GLY:O	1:A:1181:TRP:CB	2.61	0.44
1:A:310:THR:O	1:A:313:THR:HG22	2.17	0.44
1:A:844:ARG:O	1:A:1212:LEU:HD13	2.17	0.44
1:A:845:HIS:C	1:A:929:GLY:HA2	2.42	0.44
1:A:846:CYS:SG	1:A:929:GLY:HA3	2.57	0.44
1:A:876:ARG:HE	1:A:876:ARG:HB3	1.43	0.44
1:A:169:ILE:HD13	1:A:229:LEU:HD21	1.99	0.44
1:A:508:ARG:HD3	1:A:562:LEU:CD2	2.41	0.44
1:A:629:PRO:HD2	1:A:632:VAL:HG11	2.00	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:851:GLY:HA2	1:A:861:GLY:HA3	1.99	0.44
1:A:377:ILE:HG23	1:A:671:GLY:HA2	2.00	0.44
1:A:523:VAL:CG1	1:A:542:GLY:HA2	2.47	0.44
1:A:833:ILE:CG2	1:A:989:TRP:NE1	2.81	0.44
1:A:941:TRP:CZ3	1:A:1032:SER:CA	3.01	0.44
1:A:1172:ILE:HD13	1:A:1172:ILE:HA	1.68	0.44
1:A:301:THR:HG22	1:A:363:HIS:NE2	2.32	0.44
1:A:1057:LEU:HD23	1:A:1057:LEU:H	1.83	0.44
1:A:49:ALA:O	1:A:52:LYS:HB2	2.18	0.44
1:A:105:ILE:HG21	1:A:110:VAL:HB	1.99	0.44
1:A:158:ALA:CB	1:A:253:VAL:HG12	2.46	0.44
1:A:715:THR:HG21	1:A:1149:PRO:HG3	1.99	0.44
1:A:923:ASN:O	1:A:927:GLN:HG3	2.17	0.44
1:A:930:ILE:HD11	1:A:1021:TYR:HB3	1.98	0.44
1:A:1013:LYS:HE3	1:A:1016:SER:HB3	1.98	0.44
1:A:1135:PRO:O	1:A:1136:ARG:C	2.60	0.44
1:A:493:LYS:HB3	1:A:494:PRO:HD2	2.00	0.44
1:A:765:LEU:HD22	1:A:1126:TRP:CE2	2.52	0.44
1:A:777:SER:O	1:A:779:GLY:N	2.51	0.44
1:A:1173:ASN:ND2	1:A:1176:ALA:H	2.16	0.44
1:A:406:LEU:O	1:A:406:LEU:HD22	2.16	0.44
1:A:516:VAL:HG22	1:A:555:ALA:HA	2.00	0.44
1:A:874:THR:CG2	1:A:877:ALA:H	2.25	0.44
1:A:928:LEU:HD23	1:A:1020:GLY:O	2.17	0.44
1:A:1004:PRO:O	1:A:1006:GLY:N	2.51	0.44
1:A:571:ILE:HA	1:A:575:GLN:OE1	2.18	0.44
1:A:765:LEU:O	1:A:769:ILE:HB	2.18	0.44
1:A:884:LEU:O	1:A:887:SER:OG	2.28	0.44
1:A:1137:ALA:C	1:A:1139:SER:N	2.75	0.44
1:A:206:GLY:HA3	1:A:756:THR:OG1	2.18	0.43
1:A:523:VAL:HG23	1:A:523:VAL:O	2.18	0.43
1:A:941:TRP:HZ3	1:A:1032:SER:CA	2.30	0.43
1:A:954:ARG:NH1	1:A:1049:THR:HB	2.33	0.43
1:A:142:VAL:HG21	1:A:161:ALA:O	2.17	0.43
1:A:291:GLU:HG3	1:A:291:GLU:O	2.17	0.43
1:A:616:TYR:HB3	1:A:660:ALA:HB3	2.00	0.43
1:A:833:ILE:HG23	1:A:989:TRP:CE2	2.53	0.43
1:A:837:PRO:O	1:A:838:SER:O	2.36	0.43
1:A:1184:TYR:CD1	1:A:1259:ILE:O	2.71	0.43
1:A:1187:VAL:HG21	1:A:1259:ILE:HD13	2.00	0.43
1:A:1245:THR:O	1:A:1246:LYS:HD3	2.18	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:72:ILE:CG2	1:A:101:VAL:HG22	2.48	0.43
1:A:566:ILE:O	1:A:566:ILE:HG23	2.18	0.43
1:A:720:GLU:H	1:A:720:GLU:HG2	1.61	0.43
1:A:735:TYR:HA	1:A:1136:ARG:HD2	2.01	0.43
1:A:775:ASP:CG	1:A:1109:ARG:HD3	2.44	0.43
1:A:817:LEU:HD21	1:A:1064:ALA:HB1	2.01	0.43
1:A:824:MET:O	1:A:828:LYS:HG2	2.18	0.43
1:A:1179:ARG:O	1:A:1181:TRP:N	2.51	0.43
1:A:376:MET:HE3	1:A:410:VAL:HG23	1.99	0.43
1:A:805:TYR:O	1:A:806:ARG:CB	2.64	0.43
1:A:874:THR:HA	1:A:898:SER:O	2.19	0.43
1:A:1157:ILE:CG1	1:A:1165:ALA:HB3	2.46	0.43
1:A:16:THR:O	1:A:125:LYS:HD2	2.19	0.43
1:A:372:TYR:O	1:A:375:ASN:N	2.51	0.43
1:A:871:GLN:O	1:A:922:TRP:HD1	2.02	0.43
1:A:365:ASP:OD1	1:A:367:PRO:HG3	2.19	0.43
1:A:376:MET:HG3	1:A:410:VAL:HG23	2.01	0.43
1:A:441:LEU:O	1:A:445:TYR:HD1	2.01	0.43
1:A:791:LEU:HD12	1:A:791:LEU:HA	1.67	0.43
1:A:1116:LEU:O	1:A:1117:ILE:C	2.62	0.43
1:A:244:GLN:O	1:A:248:GLU:HG2	2.18	0.43
1:A:927:GLN:O	1:A:930:ILE:HD13	2.18	0.43
1:A:1021:TYR:O	1:A:1023:PHE:N	2.52	0.43
1:A:1037:VAL:HG21	1:A:1065:LEU:CD1	2.49	0.43
1:A:1178:ASN:HD22	1:A:1183:ARG:HB2	1.81	0.43
1:A:1183:ARG:O	1:A:1183:ARG:CG	2.66	0.43
1:A:17:GLY:HA3	1:A:125:LYS:HG2	1.99	0.43
1:A:502:VAL:HG11	1:A:571:ILE:HD12	2.01	0.43
1:A:760:PHE:O	1:A:761:ARG:C	2.61	0.43
1:A:796:GLU:O	1:A:797:CYS:C	2.61	0.43
1:A:864:SER:CB	1:A:1202:SER:HA	2.47	0.43
1:A:924:MET:O	1:A:928:LEU:HG	2.19	0.43
1:A:963:ASN:O	1:A:1059:SER:N	2.42	0.43
1:A:973:SER:O	1:A:976:ILE:HD12	2.18	0.43
1:A:1110:ILE:HD11	1:A:1116:LEU:HD23	2.00	0.43
1:A:1234:ALA:C	1:A:1235:ILE:HG12	2.44	0.43
1:A:369:HIS:CD2	1:A:406:LEU:HB2	2.54	0.43
1:A:603:ARG:O	1:A:637:PRO:HB3	2.18	0.43
1:A:822:ILE:CD1	1:A:983:LEU:HB3	2.49	0.43
1:A:890:PHE:CD1	1:A:1204:LEU:HD21	2.54	0.43
1:A:1000:LYS:HA	1:A:1010:THR:HA	1.99	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1159:ASP:OD1	1:A:1160:GLY:N	2.51	0.43
1:A:1172:ILE:O	1:A:1172:ILE:CG2	2.66	0.43
1:A:61:VAL:HG11	1:A:90:GLN:NE2	2.34	0.43
1:A:195:TYR:O	1:A:195:TYR:CG	2.71	0.43
1:A:224:THR:HG23	1:A:225:GLY:H	1.83	0.43
1:A:260:GLU:O	1:A:263:GLU:HG3	2.19	0.43
1:A:471:ALA:HA	1:A:474:LEU:CD1	2.47	0.43
1:A:543:VAL:O	1:A:549:LEU:HD23	2.19	0.43
1:A:871:GLN:O	1:A:872:ALA:O	2.36	0.43
1:A:892:ILE:HG23	1:A:922:TRP:CH2	2.54	0.43
1:A:466:ASP:OD1	1:A:466:ASP:C	2.60	0.42
1:A:724:ALA:CB	1:A:1106:ILE:HG21	2.46	0.42
1:A:195:TYR:OH	1:A:213:GLU:HG3	2.18	0.42
1:A:297:VAL:HG22	1:A:487:PRO:CD	2.49	0.42
1:A:414:TYR:CE1	1:A:485:PRO:HG2	2.54	0.42
1:A:496:LEU:HD23	1:A:497:LEU:N	2.34	0.42
1:A:520:ILE:HG13	1:A:553:GLY:O	2.19	0.42
1:A:839:VAL:HG12	1:A:843:LEU:CD2	2.50	0.42
1:A:980:LEU:HD22	1:A:1072:VAL:HG23	2.00	0.42
1:A:1065:LEU:HD12	1:A:1065:LEU:HA	1.89	0.42
1:A:1110:ILE:HD13	1:A:1116:LEU:HD23	2.01	0.42
1:A:33:ASP:HB3	1:A:36:LEU:CB	2.48	0.42
1:A:55:ASN:ND2	1:A:55:ASN:N	2.66	0.42
1:A:234:PHE:CZ	1:A:236:MET:HB2	2.55	0.42
1:A:961:THR:O	1:A:962:ASN:CB	2.66	0.42
1:A:1185:VAL:HG22	1:A:1186:PRO:HD2	2.02	0.42
1:A:154:VAL:HG12	1:A:258:ARG:HB3	2.01	0.42
1:A:157:ALA:C	1:A:254:THR:HG23	2.45	0.42
1:A:396:PRO:HG3	1:A:437:GLU:HB3	2.01	0.42
1:A:405:LEU:O	1:A:408:ARG:N	2.52	0.42
1:A:486:GLU:HA	1:A:487:PRO:HD2	1.87	0.42
1:A:495:PHE:CE1	1:A:577:LEU:O	2.72	0.42
1:A:608:PHE:O	1:A:628:LEU:HD21	2.19	0.42
1:A:1191:HIS:HD2	1:A:1255:ASP:OD2	2.02	0.42
1:A:64:THR:HA	1:A:72:ILE:O	2.20	0.42
1:A:73:ILE:HB	1:A:155:LEU:HD22	2.02	0.42
1:A:76:VAL:HG11	1:A:93:ALA:HB1	2.00	0.42
1:A:378:THR:HG23	1:A:380:ALA:H	1.84	0.42
1:A:596:LEU:HD12	1:A:668:VAL:CA	2.48	0.42
1:A:1025:LEU:HG	1:A:1029:ILE:HD12	2.02	0.42
1:A:165:LEU:HA	1:A:165:LEU:HD22	1.71	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:474:LEU:H	1:A:474:LEU:HD12	1.84	0.42
1:A:704:SER:HA	1:A:707:ALA:HB3	2.01	0.42
1:A:938:LEU:CD1	1:A:1028:LEU:HB2	2.49	0.42
1:A:33:ASP:HB3	1:A:36:LEU:HB2	2.02	0.42
1:A:86:ASP:CG	1:A:87:ALA:N	2.78	0.42
1:A:851:GLY:HA2	1:A:861:GLY:CA	2.49	0.42
1:A:965:ALA:HB2	1:A:1083:SER:HA	2.02	0.42
1:A:1050:VAL:CG2	1:A:1055:ILE:HG12	2.49	0.42
1:A:1138:HIS:O	1:A:1138:HIS:ND1	2.53	0.42
1:A:1188:ILE:H	1:A:1188:ILE:HG12	1.64	0.42
1:A:211:ILE:HD12	1:A:211:ILE:N	2.35	0.42
1:A:611:TYR:HB3	1:A:626:ILE:HD11	2.01	0.42
1:A:770:MET:O	1:A:771:SER:C	2.62	0.42
1:A:1019:ASN:C	1:A:1021:TYR:H	2.27	0.42
1:A:162:ASP:OD1	1:A:162:ASP:N	2.50	0.42
1:A:853:THR:O	1:A:856:ASN:O	2.38	0.42
1:A:1044:ASP:HB3	1:A:1047:GLU:HG2	2.00	0.42
1:A:93:ALA:HA	1:A:96:VAL:HG12	2.02	0.42
1:A:200:ASP:C	1:A:202:ALA:N	2.78	0.42
1:A:705:LEU:O	1:A:709:LEU:HD12	2.20	0.42
1:A:934:LEU:HB3	1:A:1024:GLU:HB3	2.02	0.42
1:A:1171:LEU:HD11	1:A:1263:SER:HB3	2.02	0.42
1:A:134:ARG:CG	1:A:134:ARG:NH2	2.77	0.41
1:A:169:ILE:O	1:A:169:ILE:HG13	2.18	0.41
1:A:495:PHE:HA	1:A:519:GLY:HA3	2.02	0.41
1:A:500:GLU:O	1:A:573:ARG:HG3	2.20	0.41
1:A:519:GLY:O	1:A:520:ILE:HD12	2.20	0.41
1:A:778:LEU:H	1:A:778:LEU:CD1	2.33	0.41
1:A:899:PRO:HG2	1:A:900:PHE:CD1	2.55	0.41
1:A:998:SER:O	1:A:1011:TYR:HD2	2.03	0.41
1:A:1064:ALA:O	1:A:1066:ARG:N	2.52	0.41
1:A:1157:ILE:C	1:A:1158:PRO:O	2.63	0.41
1:A:1162:GLY:O	1:A:1163:ASP:OD2	2.37	0.41
1:A:97:LEU:HD13	1:A:97:LEU:C	2.45	0.41
1:A:529:ILE:CD1	1:A:571:ILE:HG12	2.47	0.41
1:A:614:GLN:HE22	1:A:664:GLY:N	2.18	0.41
1:A:229:LEU:HD21	1:A:242:VAL:HG11	2.01	0.41
1:A:35:GLU:C	1:A:38:ILE:HG13	2.46	0.41
1:A:534:GLU:O	1:A:536:GLN:HG3	2.21	0.41
1:A:833:ILE:HG22	1:A:834:GLY:N	2.34	0.41
1:A:35:GLU:HA	1:A:38:ILE:HG12	2.02	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:1157:ILE:HG12	1:A:1165:ALA:CB	2.49	0.41
1:A:30:ALA:HB1	1:A:36:LEU:HD13	2.02	0.41
1:A:195:TYR:HD2	1:A:216:VAL:CG1	2.34	0.41
1:A:300:GLY:HA2	1:A:364:VAL:O	2.21	0.41
1:A:581:GLY:HA2	1:A:584:LYS:NZ	2.36	0.41
1:A:755:GLY:C	1:A:756:THR:O	2.58	0.41
1:A:871:GLN:NE2	1:A:921:GLY:HA3	2.35	0.41
1:A:927:GLN:CB	1:A:1020:GLY:HA3	2.51	0.41
1:A:1069:PHE:O	1:A:1070:LYS:C	2.61	0.41
1:A:1116:LEU:HA	1:A:1116:LEU:HD23	1.98	0.41
1:A:1210:ARG:O	1:A:1214:GLU:HB2	2.21	0.41
1:A:303:GLY:N	1:A:309:LYS:HD3	2.36	0.41
1:A:584:LYS:O	1:A:586:HIS:CD2	2.73	0.41
1:A:964:LEU:O	1:A:1088:ARG:NH2	2.53	0.41
1:A:41:MET:HA	1:A:44:SER:OG	2.20	0.41
1:A:143:LEU:HD23	1:A:143:LEU:O	2.21	0.41
1:A:216:VAL:HG12	1:A:220:MET:HG3	2.02	0.41
1:A:324:TYR:CD2	1:A:357:PRO:HD3	2.55	0.41
1:A:410:VAL:O	1:A:410:VAL:HG22	2.19	0.41
1:A:414:TYR:CD1	1:A:485:PRO:HD3	2.56	0.41
1:A:929:GLY:O	1:A:933:ILE:HG22	2.21	0.41
1:A:86:ASP:OD1	1:A:87:ALA:N	2.53	0.41
1:A:203:MET:HG2	1:A:212:ALA:CB	2.51	0.41
1:A:380:ALA:O	1:A:381:ALA:HB2	2.21	0.41
1:A:432:GLU:HA	1:A:435:GLU:HB2	2.03	0.41
1:A:538:SER:OG	1:A:539:THR:N	2.52	0.41
1:A:599:ASP:C	1:A:601:GLY:H	2.28	0.41
1:A:705:LEU:HD22	1:A:705:LEU:HA	1.91	0.41
1:A:879:LYS:O	1:A:880:TYR:C	2.63	0.41
1:A:937:ARG:C	1:A:939:ARG:N	2.76	0.41
1:A:1021:TYR:C	1:A:1023:PHE:N	2.79	0.41
1:A:1047:GLU:OE2	1:A:1047:GLU:CA	2.65	0.41
1:A:1157:ILE:CG2	1:A:1185:VAL:HG11	2.50	0.41
1:A:1173:ASN:HA	1:A:1174:PRO:HD2	1.75	0.41
1:A:1207:LEU:HD23	1:A:1207:LEU:HA	1.94	0.41
1:A:762:ILE:HD13	1:A:762:ILE:HA	1.82	0.41
1:A:790:PHE:HD1	1:A:791:LEU:HD13	1.86	0.41
1:A:1189:THR:CG2	1:A:1190:ASP:N	2.84	0.41
1:A:69:ASN:OD1	1:A:69:ASN:O	2.39	0.40
1:A:146:TYR:HB3	1:A:154:VAL:CG2	2.51	0.40
1:A:820:SER:O	1:A:823:HIS:HB2	2.21	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:A:924:MET:HE3	1:A:924:MET:HB3	1.88	0.40
1:A:997:ARG:HH12	1:A:1011:TYR:HB2	1.86	0.40
1:A:1118:LEU:CD1	1:A:1163:ASP:OD1	2.69	0.40
1:A:235:VAL:CG2	1:A:606:PRO:HG2	2.51	0.40
1:A:301:THR:CG2	1:A:363:HIS:NE2	2.85	0.40
1:A:820:SER:C	1:A:824:MET:HE3	2.46	0.40
1:A:845:HIS:HB3	1:A:929:GLY:O	2.21	0.40
1:A:864:SER:HB2	1:A:1201:GLY:C	2.46	0.40
1:A:115:PHE:O	1:A:118:GLU:N	2.54	0.40
1:A:228:SER:C	1:A:230:THR:N	2.79	0.40
1:A:710:ARG:HH22	1:A:1253:LYS:HZ1	1.69	0.40
1:A:9:VAL:HG12	1:A:27:LEU:HD22	2.03	0.40
1:A:523:VAL:HG12	1:A:542:GLY:C	2.47	0.40
1:A:606:PRO:CA	1:A:637:PRO:HD3	2.48	0.40
1:A:1033:LEU:HD12	1:A:1033:LEU:HA	1.35	0.40
1:A:1204:LEU:HD23	1:A:1204:LEU:HA	1.90	0.40
1:A:52:LYS:O	1:A:54:GLY:N	2.55	0.40
1:A:152:ILE:CG1	1:A:260:GLU:HG3	2.52	0.40
1:A:222:LYS:O	1:A:223:PHE:C	2.64	0.40
1:A:1176:ALA:CB	1:A:1185:VAL:HG23	2.50	0.40

There are no symmetry-related clashes.

5.3 Torsion angles

5.3.1 Protein backbone

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution.

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	1189/1289 (92%)	944 (79%)	179 (15%)	66 (6%)	1 10

All (66) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	116	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	134	ARG
1	A	150	ALA
1	A	176	SER
1	A	209	LYS
1	A	495	PHE
1	A	746	CYS
1	A	755	GLY
1	A	769	ILE
1	A	771	SER
1	A	778	LEU
1	A	806	ARG
1	A	838	SER
1	A	872	ALA
1	A	896	ASP
1	A	970	SER
1	A	1158	PRO
1	A	149	GLY
1	A	267	LYS
1	A	325	GLY
1	A	510	THR
1	A	618	ARG
1	A	703	ASN
1	A	780	ILE
1	A	849	SER
1	A	854	THR
1	A	897	ILE
1	A	971	ALA
1	A	990	PHE
1	A	992	VAL
1	A	1005	ASP
1	A	1020	GLY
1	A	1180	GLY
1	A	31	ASN
1	A	53	ALA
1	A	68	GLY
1	A	102	ALA
1	A	205	SER
1	A	229	LEU
1	A	381	ALA
1	A	523	VAL
1	A	809	TYR
1	A	1035	ARG

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	1065	LEU
1	A	1084	GLU
1	A	187	SER
1	A	538	SER
1	A	711	ARG
1	A	448	PRO
1	A	619	THR
1	A	677	LEU
1	A	975	SER
1	A	979	ALA
1	A	1022	THR
1	A	1151	GLN
1	A	1186	PRO
1	A	132	ILE
1	A	373	VAL
1	A	999	PRO
1	A	807	PRO
1	A	1119	VAL
1	A	1239	ILE
1	A	1244	PRO
1	A	201	ILE
1	A	509	GLY
1	A	1103	PRO

5.3.2 Protein sidechains ⓘ

In the following table, the Percentiles column shows the percent sidechain outliers of the chain as a percentile score with respect to all X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution.

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	991/1060 (94%)	788 (80%)	203 (20%)	1 6

All (203) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	8	LEU
1	A	10	LYS
1	A	12	LEU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	29	GLU
1	A	34	ILE
1	A	36	LEU
1	A	55	ASN
1	A	59	ASP
1	A	62	ILE
1	A	72	ILE
1	A	73	ILE
1	A	76	VAL
1	A	80	THR
1	A	81	ASP
1	A	106	THR
1	A	108	VAL
1	A	117	GLU
1	A	126	ILE
1	A	130	ILE
1	A	134	ARG
1	A	143	LEU
1	A	152	ILE
1	A	154	VAL
1	A	155	LEU
1	A	165	LEU
1	A	166	VAL
1	A	169	ILE
1	A	181	ILE
1	A	186	VAL
1	A	190	VAL
1	A	194	GLU
1	A	196	GLN
1	A	203	MET
1	A	210	GLU
1	A	213	GLU
1	A	217	GLU
1	A	220	MET
1	A	224	THR
1	A	228	SER
1	A	239	SER
1	A	240	LYS
1	A	244	GLN
1	A	245	LEU
1	A	250	ASN
1	A	254	THR

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	258	ARG
1	A	266	GLU
1	A	268	VAL
1	A	312	LEU
1	A	316	ILE
1	A	355	ASP
1	A	356	THR
1	A	382	GLN
1	A	387	ILE
1	A	390	VAL
1	A	399	GLN
1	A	400	THR
1	A	406	LEU
1	A	419	LEU
1	A	426	ASP
1	A	433	LEU
1	A	438	VAL
1	A	443	SER
1	A	460	LEU
1	A	480	LEU
1	A	502	VAL
1	A	503	PHE
1	A	504	SER
1	A	508	ARG
1	A	516	VAL
1	A	520	ILE
1	A	527	VAL
1	A	529	ILE
1	A	530	VAL
1	A	532	ILE
1	A	535	THR
1	A	537	LYS
1	A	541	THR
1	A	548	LYS
1	A	550	LEU
1	A	570	GLU
1	A	583	ILE
1	A	593	VAL
1	A	595	ILE
1	A	599	ASP
1	A	604	HIS
1	A	613	PRO

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	614	GLN
1	A	622	VAL
1	A	623	THR
1	A	628	LEU
1	A	632	VAL
1	A	641	ILE
1	A	646	THR
1	A	647	LEU
1	A	648	ILE
1	A	649	HIS
1	A	651	ILE
1	A	662	ARG
1	A	676	VAL
1	A	704	SER
1	A	705	LEU
1	A	706	SER
1	A	715	THR
1	A	717	ILE
1	A	719	VAL
1	A	720	GLU
1	A	727	ILE
1	A	733	LEU
1	A	738	SER
1	A	741	ASN
1	A	750	SER
1	A	756	THR
1	A	762	ILE
1	A	777	SER
1	A	780	ILE
1	A	782	THR
1	A	785	VAL
1	A	790	PHE
1	A	791	LEU
1	A	796	GLU
1	A	797	CYS
1	A	799	LEU
1	A	806	ARG
1	A	809	TYR
1	A	820	SER
1	A	822	ILE
1	A	832	LEU
1	A	839	VAL

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	840	GLU
1	A	843	LEU
1	A	853	THR
1	A	855	THR
1	A	859	SER
1	A	869	LEU
1	A	874	THR
1	A	876	ARG
1	A	881	VAL
1	A	893	ARG
1	A	894	ILE
1	A	901	ASN
1	A	905	THR
1	A	916	ILE
1	A	924	MET
1	A	930	ILE
1	A	933	ILE
1	A	938	LEU
1	A	943	ILE
1	A	948	GLN
1	A	949	THR
1	A	952	GLN
1	A	956	HIS
1	A	960	VAL
1	A	962	ASN
1	A	967	VAL
1	A	973	SER
1	A	981	CYS
1	A	985	LEU
1	A	991	GLU
1	A	992	VAL
1	A	1003	LEU
1	A	1008	VAL
1	A	1012	GLU
1	A	1014	ILE
1	A	1016	SER
1	A	1021	TYR
1	A	1028	LEU
1	A	1033	LEU
1	A	1039	GLU
1	A	1043	LEU
1	A	1046	SER

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	1047	GLU
1	A	1049	THR
1	A	1072	VAL
1	A	1074	PHE
1	A	1076	THR
1	A	1088	ARG
1	A	1093	LYS
1	A	1102	THR
1	A	1106	ILE
1	A	1110	ILE
1	A	1116	LEU
1	A	1117	ILE
1	A	1128	THR
1	A	1145	ARG
1	A	1151	GLN
1	A	1152	LEU
1	A	1157	ILE
1	A	1171	LEU
1	A	1172	ILE
1	A	1173	ASN
1	A	1177	LYS
1	A	1182	ILE
1	A	1185	VAL
1	A	1188	ILE
1	A	1200	LEU
1	A	1210	ARG
1	A	1212	LEU
1	A	1215	SER
1	A	1235	ILE
1	A	1239	ILE
1	A	1249	ARG
1	A	1261	CYS

Sometimes sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (31) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	A	55	ASN
1	A	79	GLN
1	A	114	GLN
1	A	131	ASN
1	A	147	GLN
1	A	250	ASN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	A	284	HIS
1	A	307	HIS
1	A	399	GLN
1	A	403	HIS
1	A	536	GLN
1	A	558	ASN
1	A	586	HIS
1	A	614	GLN
1	A	640	ASN
1	A	649	HIS
1	A	703	ASN
1	A	714	ASN
1	A	729	ASN
1	A	741	ASN
1	A	871	GLN
1	A	901	ASN
1	A	946	ASN
1	A	952	GLN
1	A	962	ASN
1	A	1077	ASN
1	A	1094	HIS
1	A	1121	ASN
1	A	1151	GLN
1	A	1155	ASN
1	A	1173	ASN

5.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

5.4 Non-standard residues in protein, DNA, RNA chains ⓘ

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

5.5 Carbohydrates ⓘ

There are no oligosaccharides in this entry.

5.6 Ligand geometry

Of 1 ligands modelled in this entry, 1 is monoatomic - leaving 0 for Mogul analysis.

There are no bond length outliers.

There are no bond angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no torsion outliers.

There are no ring outliers.

No monomer is involved in short contacts.

5.7 Other polymers

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues

There are no chain breaks in this entry.

6 Fit of model and data [i](#)

6.1 Protein, DNA and RNA chains [i](#)

In the following table, the column labelled ‘#RSRZ > 2’ contains the number (and percentage) of RSRZ outliers, followed by percent RSRZ outliers for the chain as percentile scores relative to all X-ray entries and entries of similar resolution. The OWAB column contains the minimum, median, 95th percentile and maximum values of the occupancy-weighted average B-factor per residue. The column labelled ‘Q < 0.9’ lists the number of (and percentage) of residues with an average occupancy less than 0.9.

Mol	Chain	Analysed	<RSRZ>	#RSRZ>2	OWAB(Å ²)	Q<0.9
1	A	1199/1289 (93%)	-0.27	0 100 100	72, 137, 182, 211	0

There are no RSRZ outliers to report.

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

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

6.3 Carbohydrates [i](#)

There are no oligosaccharides in this entry.

6.4 Ligands [i](#)

In the following table, the Atoms column lists the number of modelled atoms in the group and the number defined in the chemical component dictionary. The B-factors column lists the minimum, median, 95th percentile and maximum values of B factors of atoms in the group. The column labelled ‘Q < 0.9’ lists the number of atoms with occupancy less than 0.9.

Mol	Type	Chain	Res	Atoms	RSCC	RSR	B-factors(Å ²)	Q<0.9
2	MG	A	2001	1/1	0.46	0.15	84,84,84,84	0

6.5 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.