



Full wwPDB EM Validation Report ⓘ

Mar 24, 2026 – 08:51 AM UTC

PDB ID : 6FYX / pdb_00006fyx
EMDB ID : EMD-4327
Title : Structure of a partial yeast 48S preinitiation complex with eIF5 N-terminal domain (model C1)
Authors : Llacer, J.L.; Hussain, T.; Gordiyenko, Y.; Ramakrishnan, V.
Deposited on : 2018-03-12
Resolution : 3.50 Å(reported)

This is a Full wwPDB EM 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/EMValidationReportHelp>
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:

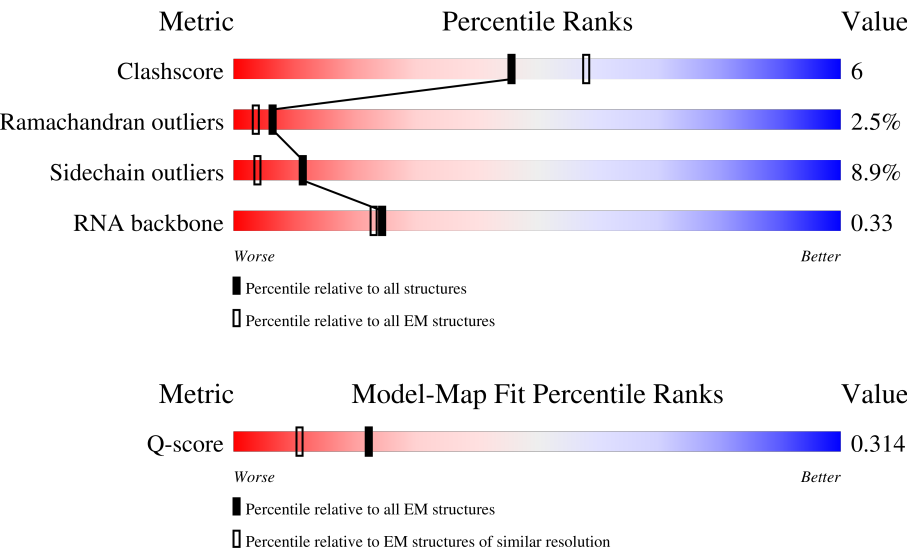
EMDB validation analysis : 0.0.1.dev132
Mogul : 2022.3.0, CSD as543be (2022)
MolProbity : 4-5-2 with Phenix2.0
Buster-report : wwPDB partial adaption of 1.1.7 (2018)
Percentile statistics : 20250101.v01 (using entries in the PDB archive January 1st 2025)
EM percentile statistics : 202505.v01 (Using data in the EMDB archive up until May 2025)
MapQ : 1.9.13
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 i

The following experimental techniques were used to determine the structure:
ELECTRON MICROSCOPY

The reported resolution of this entry is 3.50 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)	EM structures (#Entries)	Similar EM resolution (#Entries, resolution range(Å))
Clashscore	229148	23984	-
Ramachandran outliers	224038	23583	-
Sidechain outliers	223484	23102	-
RNA backbone	8273	3508	-
Q-score	-	25397	13950 (3.00 - 4.00)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the map. The red, orange, yellow and green segments of the 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 EM map (all-atom inclusion $< 40\%$). The numeric value is given above the bar.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	1	75	
2	2	1798	
3	3	49	

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
4	A	254	
5	B	255	
6	C	259	
7	D	237	
8	E	261	
9	F	227	
10	G	236	
11	H	190	
12	I	201	
13	J	188	
14	K	106	
15	L	156	
16	M	134	
17	N	151	
18	O	137	
19	P	142	
20	Q	143	
21	R	136	
22	S	146	
23	T	144	
24	U	117	
25	V	87	
26	W	130	
27	X	145	
28	Y	135	

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
29	Z	108	
30	a	119	
31	b	82	
32	c	67	
33	d	56	
34	e	63	
35	f	150	
36	g	326	
37	h	25	
38	i	153	
39	j	304	
40	k	527	
41	l	285	
42	m	405	
43	o	964	
44	p	763	
45	q	812	
46	r	274	
47	s	347	

The following table lists non-polymeric compounds, carbohydrate monomers and non-standard residues in protein, DNA, RNA chains that are outliers for geometric or electron-density-fit criteria:

Mol	Type	Chain	Res	Chirality	Geometry	Clashes	Electron density
2	C4J	2	1190	X	-	-	-
49	ZN	f	501	-	-	X	-

2 Entry composition

There are 51 unique types of molecules in this entry. The entry contains 104404 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

In the tables below, 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 RNA chain called tRNAi.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
1	1	75	Total	C	N	O	P	0	0
			1639	734	298	531	76		

- Molecule 2 is a RNA chain called 18S ribosomal RNA.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
2	2	1780	Total	C	N	O	P	0	0
			37812	16904	6659	12469	1780		

There are 2 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
2	676	G	U	conflict	GB 49642208
2	678	U	G	conflict	GB 49642208

- Molecule 3 is a RNA chain called mRNA (31-MER).

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
3	3	31	Total	C	N	O	P	4	0
			719	324	108	252	35		

- Molecule 4 is a protein called 40S ribosomal protein S0.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
4	A	219	Total	C	N	O	S	0	0
			1702	1085	299	316	2		

- Molecule 5 is a protein called 40S ribosomal protein S1.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
5	B	225	Total	C	N	O	S	0	0
			1797	1135	330	329	3		

- Molecule 6 is a protein called KLLA0F09812p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
6	C	220	Total	C	N	O	S	0	0
			1648	1053	291	300	4		

- Molecule 7 is a protein called KLLA0D08305p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
7	D	227	Total	C	N	O	S	0	0
			1774	1126	320	323	5		

- Molecule 8 is a protein called 40S ribosomal protein S4.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
8	E	260	Total	C	N	O	S	0	0
			2078	1322	393	359	4		

- Molecule 9 is a protein called KLLA0D10659p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
9	F	206	Total	C	N	O	S	0	0
			1609	1008	298	300	3		

- Molecule 10 is a protein called 40S ribosomal protein S6.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
10	G	230	Total	C	N	O	S	0	0
			1832	1146	352	330	4		

- Molecule 11 is a protein called 40S ribosomal protein S7.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
11	H	184	Total	C	N	O	0	0
			1483	950	270	263		

- Molecule 12 is a protein called 40S ribosomal protein S8.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
12	I	188	Total	C	N	O	S	0	0
			1489	923	300	265	1		

- Molecule 13 is a protein called KLLA0E23673p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
13	J	182	Total	C	N	O	S	0	0
			1471	929	287	254	1		

- Molecule 14 is a protein called KLLA0B08173p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
14	K	96	Total	C	N	O	S	0	0
			809	533	129	146	1		

- Molecule 15 is a protein called KLLA0A10483p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
15	L	155	Total	C	N	O	S	0	0
			1248	798	237	210	3		

- Molecule 16 is a protein called 40S ribosomal protein S12.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
16	M	117	Total	C	N	O	0	0
			885	553	161	171		

- Molecule 17 is a protein called KLLA0F18040p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
17	N	151	Total	C	N	O	S	0	0
			1195	761	224	207	3		

- Molecule 18 is a protein called 40S ribosomal protein S14.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
18	O	129	Total	C	N	O	S	0	0
			954	584	191	176	3		

- Molecule 19 is a protein called KLLA0F07843p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
19	P	117	Total	C	N	O	S	0	0
			923	592	165	161	5		

- Molecule 20 is a protein called 40S ribosomal protein S16.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
20	Q	141	Total	C	N	O	0	0
			1105	709	204	192		

- Molecule 21 is a protein called KLLA0B01474p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
21	R	130	Total	C	N	O	S	0	0
			1033	643	194	193	3		

- Molecule 22 is a protein called KLLA0B01562p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
22	S	145	Total	C	N	O	S	0	0
			1189	739	239	209	2		

- Molecule 23 is a protein called KLLA0A07194p.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
23	T	143	Total	C	N	O	0	0
			1110	693	210	207		

- Molecule 24 is a protein called KLLA0F25542p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
24	U	106	Total	C	N	O	S	0	0
			845	540	152	152	1		

- Molecule 25 is a protein called 40S ribosomal protein S21.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
25	V	87	Total	C	N	O	S	0	0
			687	424	126	135	2		

- Molecule 26 is a protein called 40S ribosomal protein S22.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
26	W	129	Total	C	N	O	S	0	0
			1021	651	187	180	3		

- Molecule 27 is a protein called KLLA0B11231p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
27	X	144	Total	C	N	O	S	0	0
			1119	708	218	191	2		

- Molecule 28 is a protein called 40S ribosomal protein S24.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
28	Y	134	Total	C	N	O	S	0	0
			1061	665	207	189			

- Molecule 29 is a protein called KLLA0B06182p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
29	Z	78	Total	C	N	O	S	0	0
			594	376	111	106	1		

- Molecule 30 is a protein called 40S ribosomal protein S26.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
30	a	103	Total	C	N	O	S	0	0
			812	500	173	134	5		

- Molecule 31 is a protein called 40S ribosomal protein S27.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
31	b	81	Total	C	N	O	S	0	0
			609	379	112	113	5		

- Molecule 32 is a protein called 40S ribosomal protein S28.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
32	c	64	Total	C	N	O	S	0	0
			499	308	99	91	1		

- Molecule 33 is a protein called 40S ribosomal protein S29.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
33	d	55	Total	C	N	O	S	0	0
			461	289	93	78	1		

- Molecule 34 is a protein called 40S ribosomal protein S30.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
34	e	60	Total	C	N	O	S	0	0
			472	295	96	80	1		

- Molecule 35 is a protein called Ubiquitin-40S ribosomal protein S27a.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
35	f	74	Total	C	N	O	S	0	0
			584	374	111	95	4		

- Molecule 36 is a protein called KLLA0E12277p.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
36	g	320	Total	C	N	O	S	0	0
			2469	1561	432	471	5		

- Molecule 37 is a protein called 60S ribosomal protein L41-A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
37	h	25	Total	C	N	O	S	0	0
			233	142	63	27	1		

- Molecule 38 is a protein called Eukaryotic translation initiation factor 1A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
38	i	121	Total	C	N	O	S	0	0
			958	587	183	183	5		

- Molecule 39 is a protein called Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit alpha.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
39	j	249	Total	C	N	O	S	0	0
			2006	1283	333	382	8		

- Molecule 40 is a protein called Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit gamma.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
40	k	414	Total	C	N	O	S	0	0
			3123	1985	560	562	16		

- Molecule 41 is a protein called Eukaryotic translation initiation factor 2 subunit beta.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
41	l	128	Total	C	N	O	S	0	0
			1036	661	186	182	7		

- Molecule 42 is a protein called Eukaryotic translation initiation factor 5.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
42	m	147	Total	C	N	O	S	0	0
			1140	724	201	208	7		

- Molecule 43 is a protein called Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
43	o	529	Total	C	N	O	S	0	0
			4070	2597	697	769	7		

- Molecule 44 is a protein called Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit B.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
44	p	647	Total	C	N	O	S	0	0
			5114	3274	880	942	18		

- Molecule 45 is a protein called eIF3c,eIF3c.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
45	q	621	Total	C	N	O	S	0	0
			4827	3076	813	926	12		

- Molecule 46 is a protein called Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
46	r	49	Total	C	N	O	0	0
			392	240	76	76		

- Molecule 47 is a protein called Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
47	s	330	Total	C	N	O	S	0	0
			2606	1661	429	507	9		

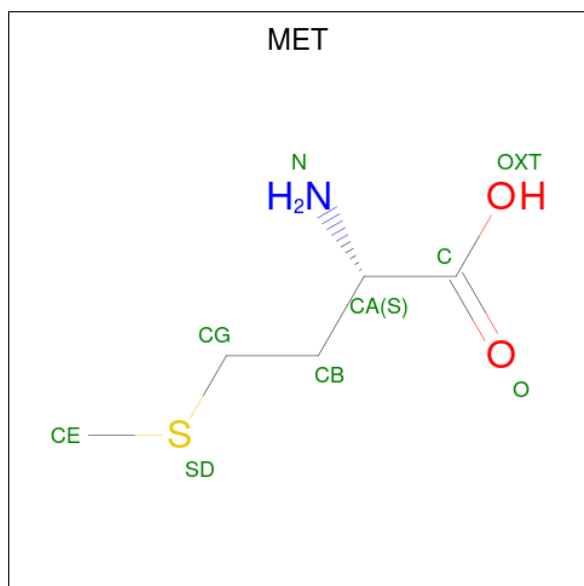
- Molecule 48 is MAGNESIUM ION (CCD ID: MG) (formula: Mg).

Mol	Chain	Residues	Atoms		AltConf
48	2	116	Total	Mg	0
			116	116	
48	k	1	Total	Mg	0
			1	1	

- Molecule 49 is ZINC ION (CCD ID: ZN) (formula: Zn).

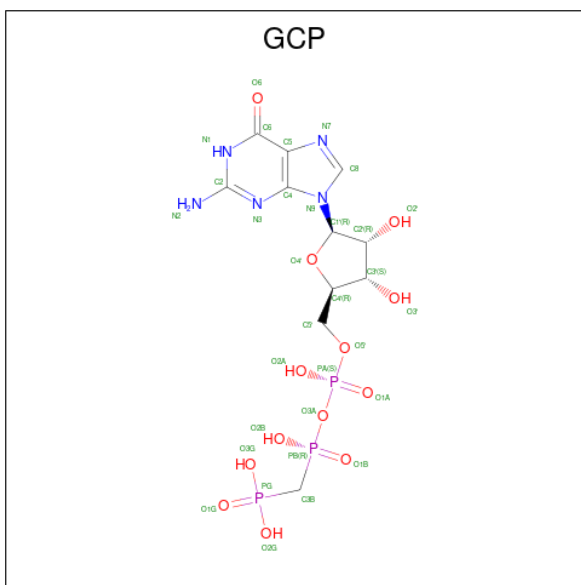
Mol	Chain	Residues	Atoms		AltConf
49	a	1	Total	Zn	0
			1	1	
49	b	1	Total	Zn	0
			1	1	
49	f	1	Total	Zn	0
			1	1	
49	l	1	Total	Zn	0
			1	1	
49	m	1	Total	Zn	0
			1	1	

- Molecule 50 is METHIONINE (CCD ID: MET) (formula: C₅H₁₁NO₂S).



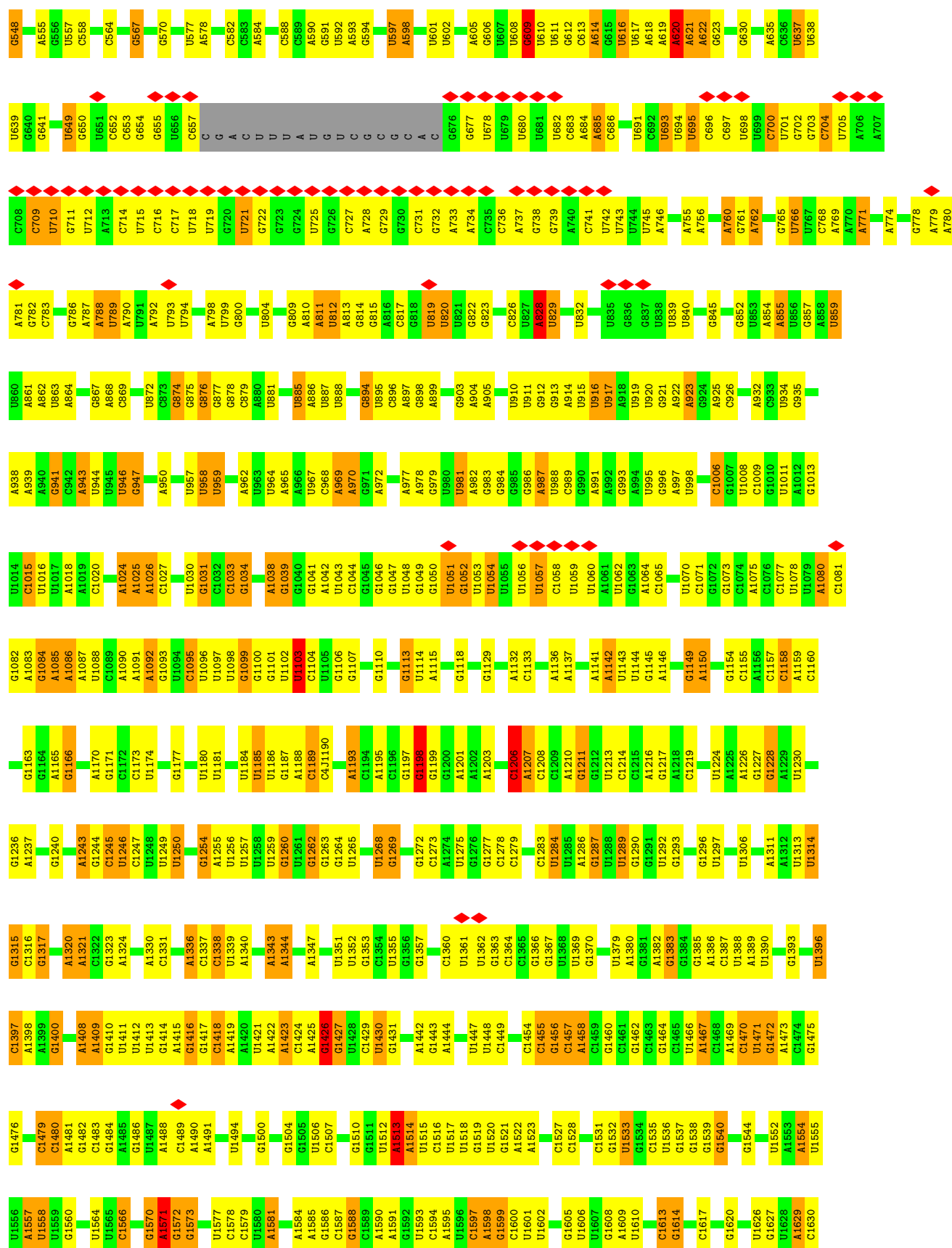
Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf
50	k	1	Total	C	N	O	S	0
			8	5	1	1	1	

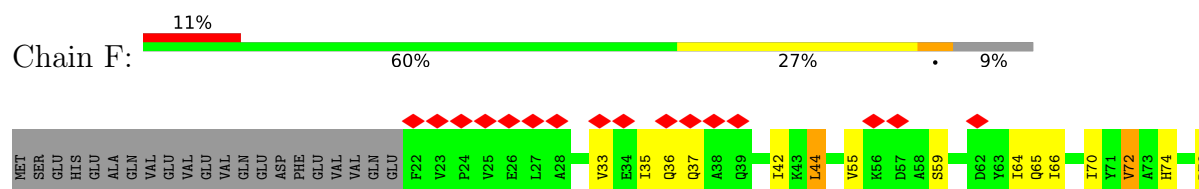
- Molecule 51 is PHOSPHOMETHYLPHOSPHONIC ACID GUANYLATE ESTER (CCD ID: GCP) (formula: C₁₁H₁₈N₅O₁₃P₃).

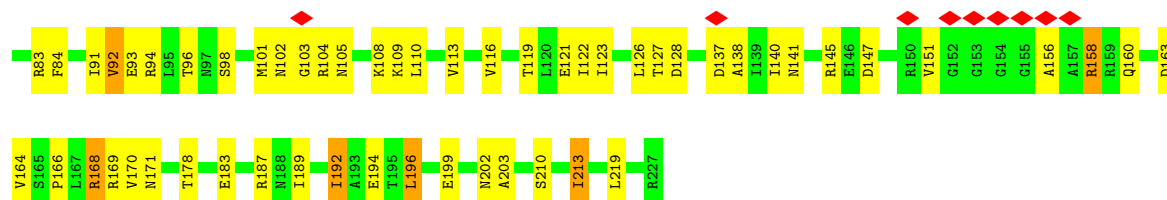


Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf
51	k	1	Total	C	N	O	P	0
			32	11	5	13	3	

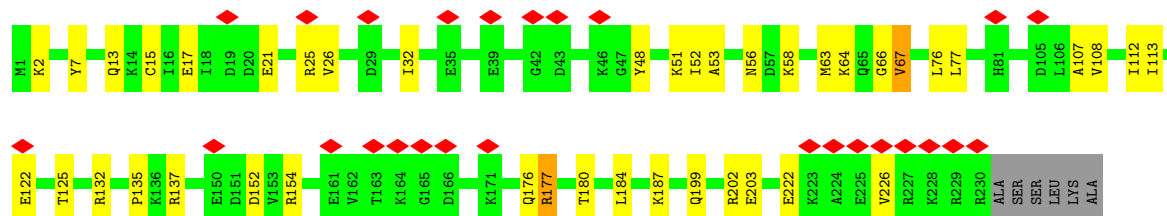
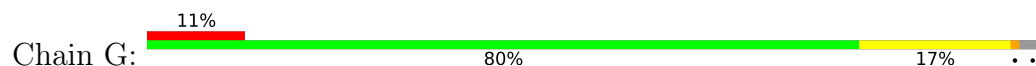




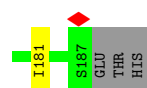
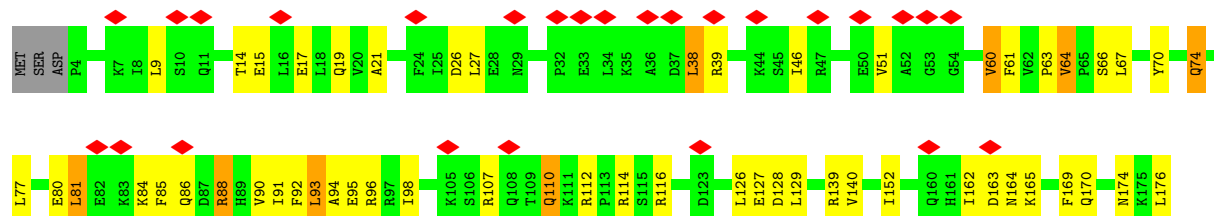




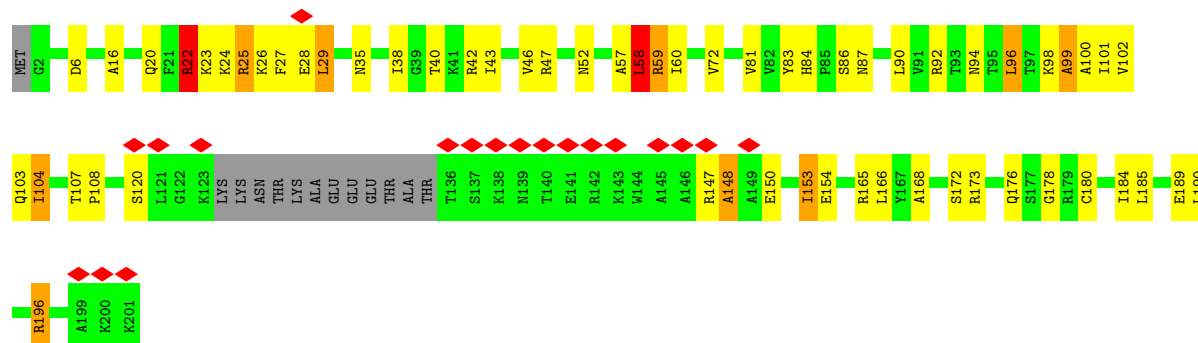
- Molecule 10: 40S ribosomal protein S6



- Molecule 11: 40S ribosomal protein S7

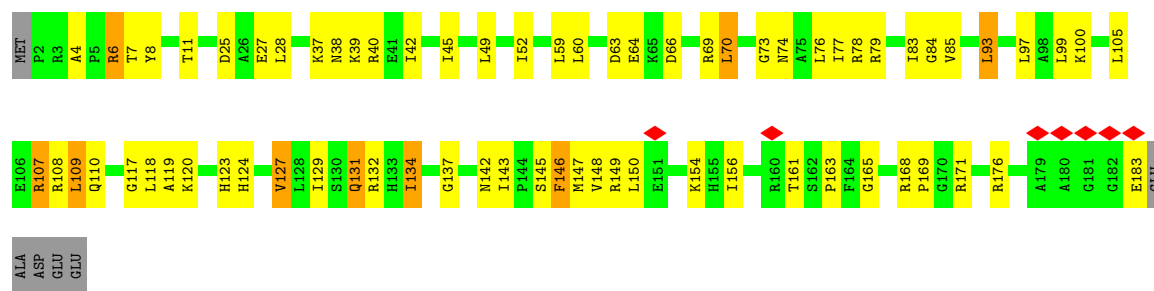


- Molecule 12: 40S ribosomal protein S8



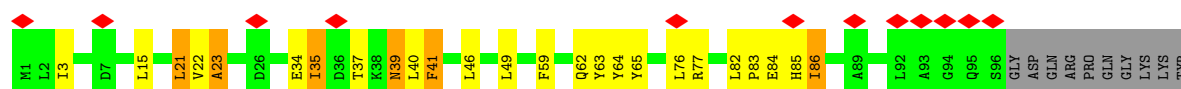
- Molecule 13: KLLA0E23673p

Chain J: 



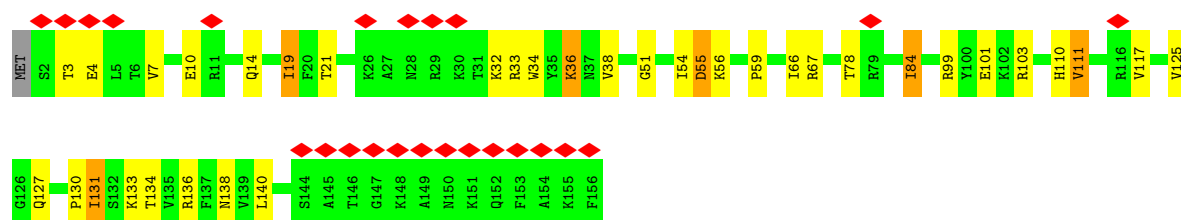
• Molecule 14: KLLA0B08173p

Chain K: 



• Molecule 15: KLLA0A10483p

Chain L: 



• Molecule 16: 40S ribosomal protein S12

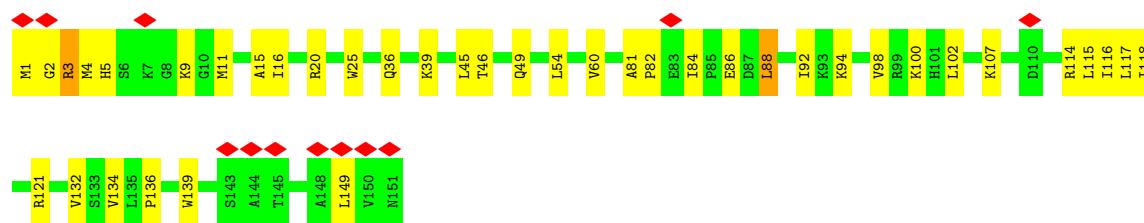
Chain M: 



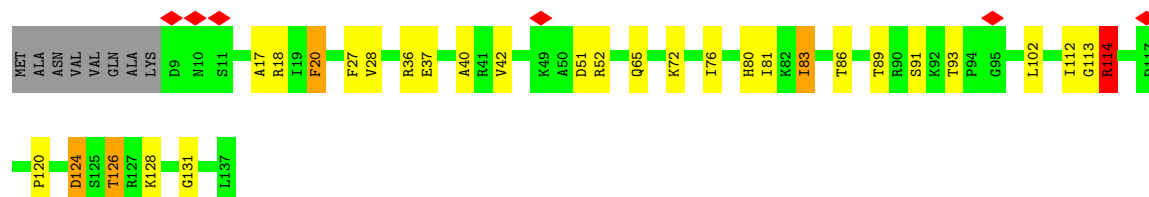
• Molecule 17: KLLA0F18040p

Chain N: 

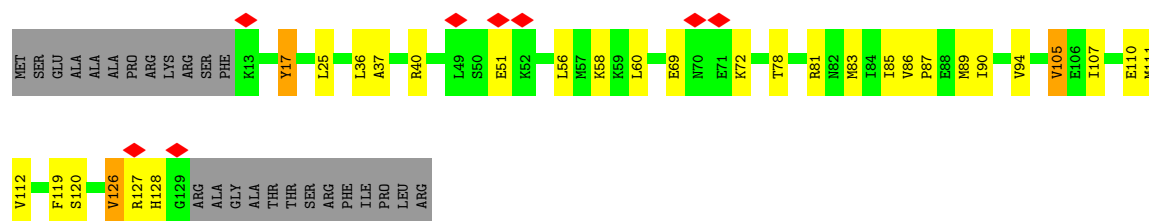
Chain N:



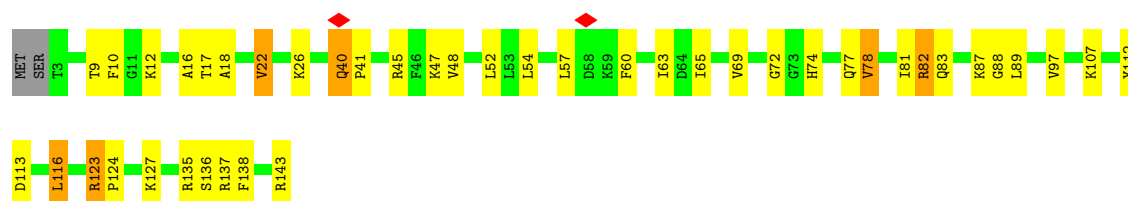
- Molecule 18: 40S ribosomal protein S14



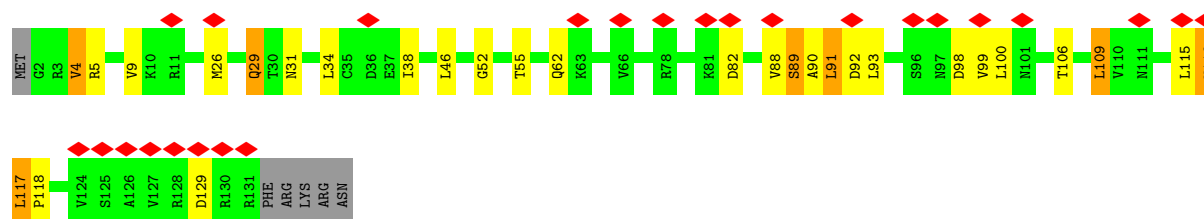
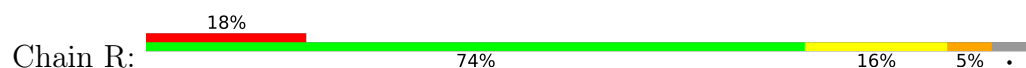
- Molecule 19: KLLA0F07843p



- Molecule 20: 40S ribosomal protein S16

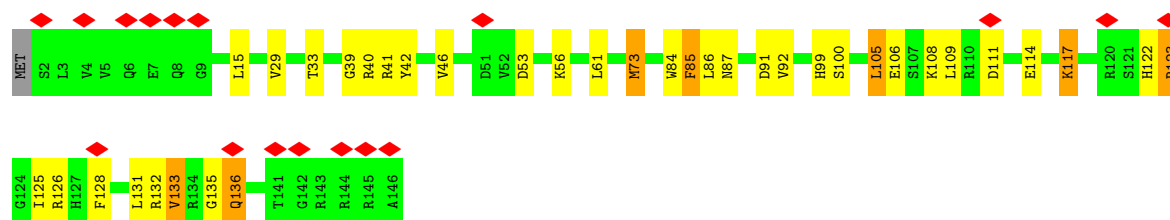


- Molecule 21: KLLA0B01474p



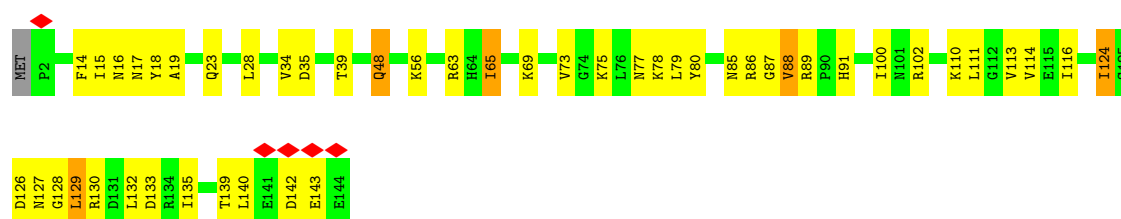
- Molecule 22: KLLA0B01562p

Chain S: 



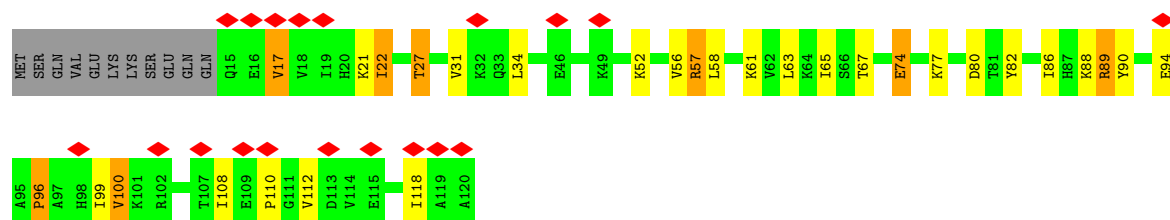
- Molecule 23: KLLA0A07194p

Chain T: 



- Molecule 24: KLLA0F25542p

Chain U: 



- Molecule 25: 40S ribosomal protein S21

Chain V: 



- Molecule 26: 40S ribosomal protein S22

Chain W: 



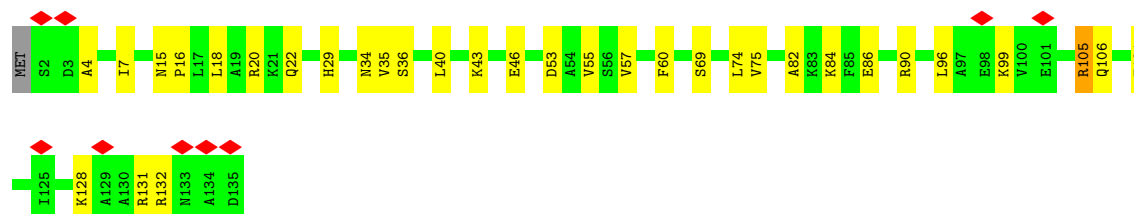
- Molecule 27: KLLA0B11231p

Chain X:  78% 17% ..



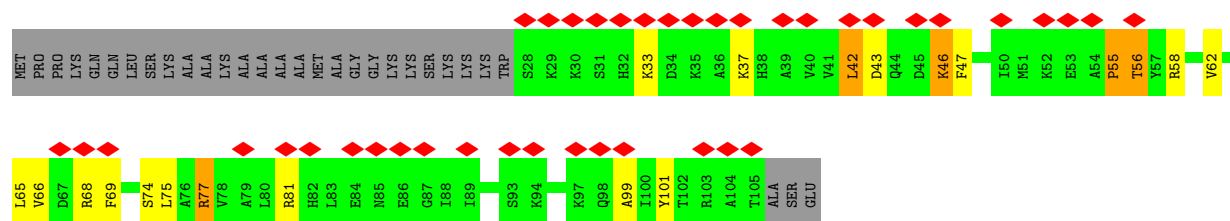
- Molecule 28: 40S ribosomal protein S24

Chain Y:  7% 75% 24% ..



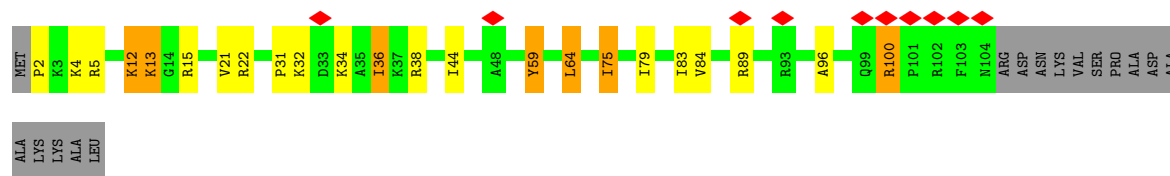
- Molecule 29: KLLA0B06182p

Chain Z:  37% 54% 14% 5% 28%



- Molecule 30: 40S ribosomal protein S26

Chain a:  8% 67% 13% 6% 13%

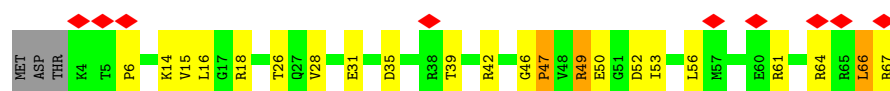


- Molecule 31: 40S ribosomal protein S27

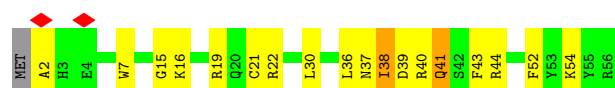
Chain b:  7% 83% 15% ..



- Molecule 32: 40S ribosomal protein S28



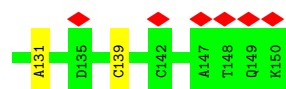
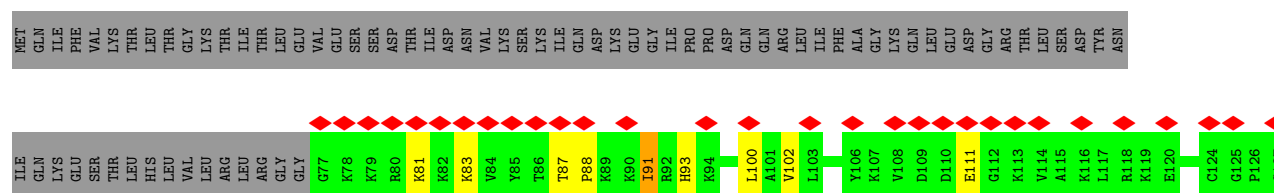
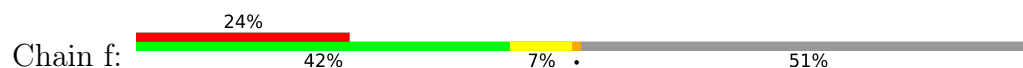
- Molecule 33: 40S ribosomal protein S29



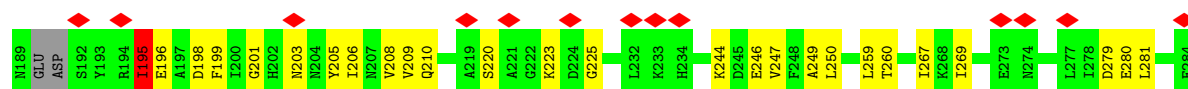
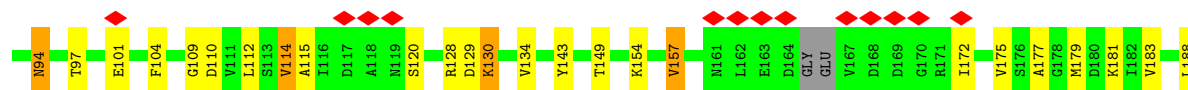
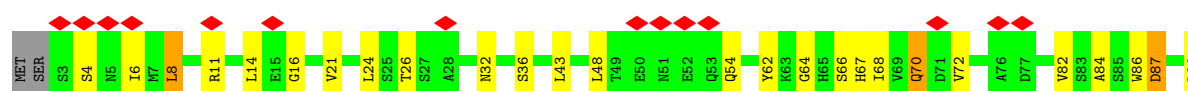
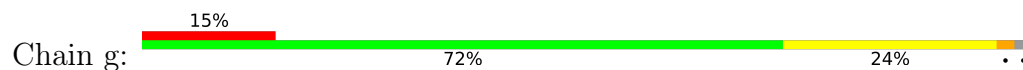
- Molecule 34: 40S ribosomal protein S30

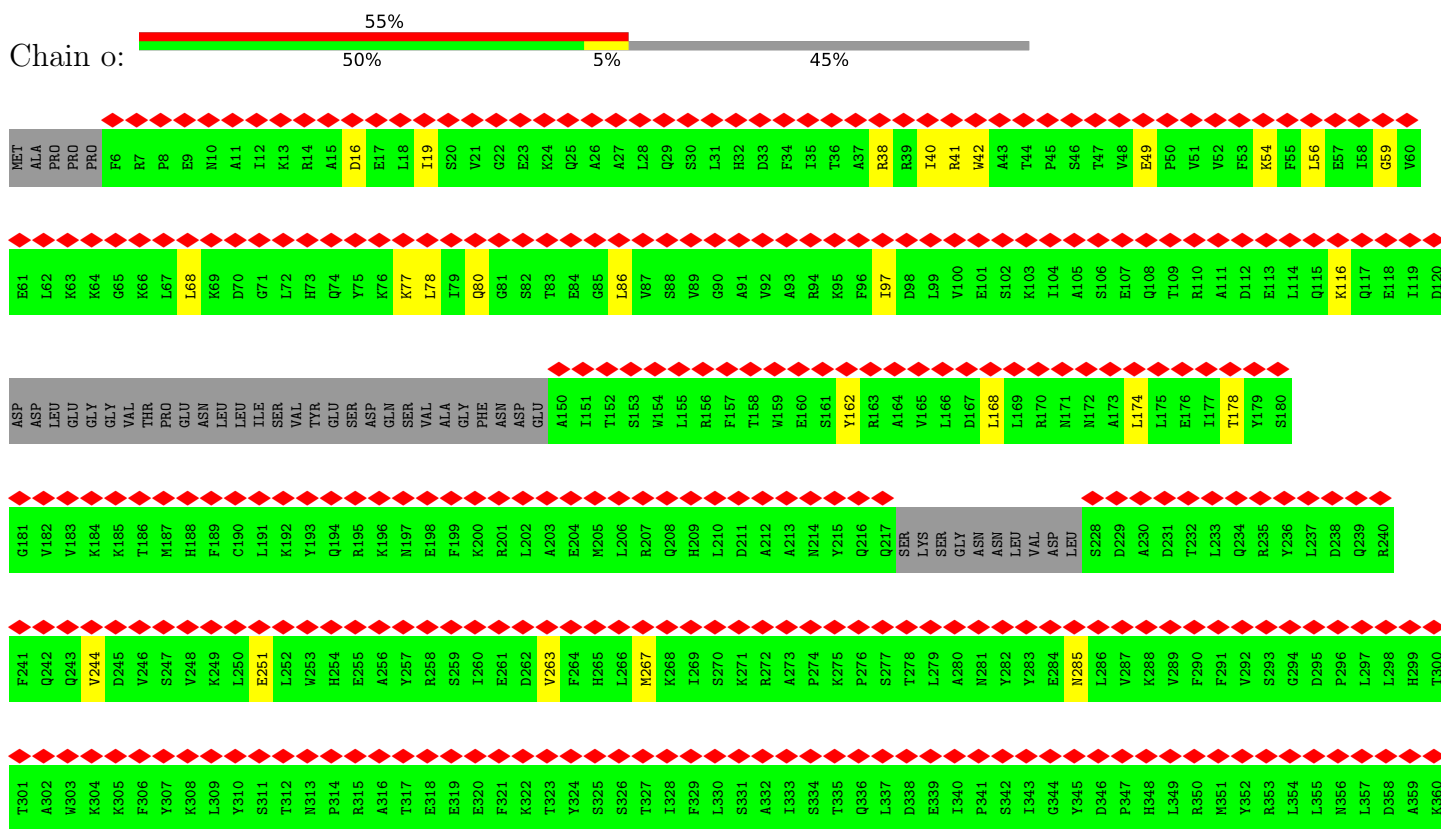


- Molecule 35: Ubiquitin-40S ribosomal protein S27a

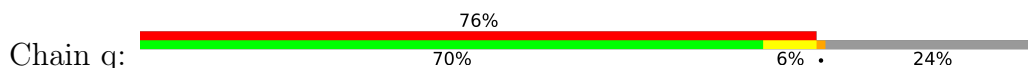


- Molecule 36: KLLA0E12277p





- Molecule 45: eIF3c,eIF3c

[illegible]

G781	D782	E783	T784	T785	K786	L787	E788	E789	A790	M791	V792	K793	L794	ASN	LYS	GLU	TYR	LYS	ILE	ALA	LYS	GLU	ARG	LEU	ASN	PRO	PRO	SER	ASN	ARG	ARG																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																																										
------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	------	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

● Molecule 46: Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit G



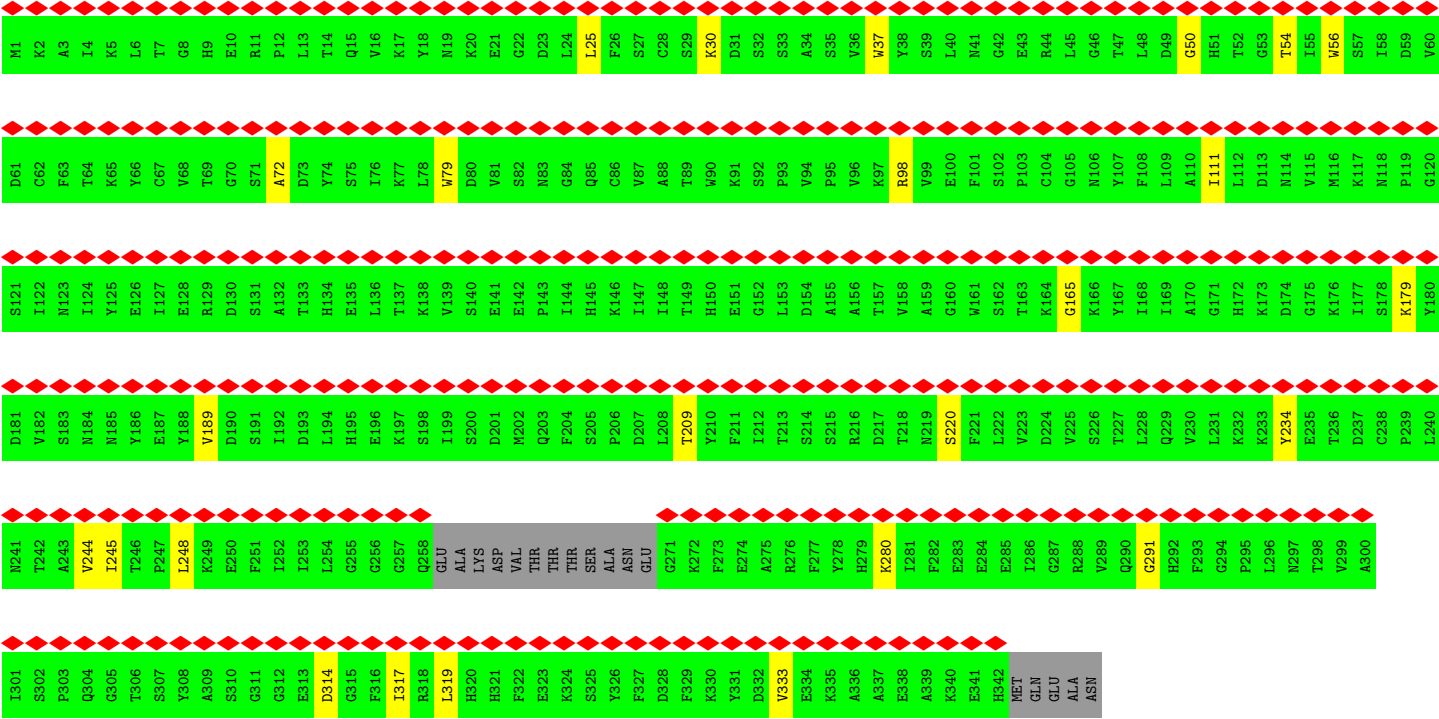
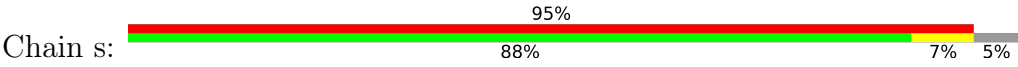
MET																																SER																																GLU																																VAL																																ALA																																PRO																																GLU																																ILE																																ILE																																GLU																																ASN																																ALA																																ASP																																GLY																																SER																																ARG																																SER																																ILE																																ILE																																THR																																TYR																																LYS																																LYS																																ILE																																GLU																																ASP																																GLY																																VAL																																LYS																																LYS																																TYR																																LYS																																ILE																																THR																																GLN																																LYS																																LYS																																VAL																																LYS																																GLU																																VAL																																VAL																																LYS																																VAL																																LEU																																GLU																																LYS																																LYS																																HIS																																VAL																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LYS																																LY																															
-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

CYS
PRO
PHE
LYS
THR
ILE
LEU
SER
GLU
LEU
SER
CYS
SER
PHE
ALA
LEU
GLU
ASP
MET
PRO
GLN
ALA
THR
VAL
THR
ASN
SER
GLU
GLY
ALA
GLY
VAL
ASP
GLU
ASN
GLY
PHE
GLN
VAL
PRO
PHE
GLY
GLY
ALA
PRO
SER
ILE
SER
PRO
VAL
GLY
SER
GLY
VAL
GLN
TYR
VAL
ARG
VAL
PRO
LYS
SER
THR
ARG
ALA
GLY
SER
ALA
ARG
GLY
ARG
LEU
ASP
PHE
VAL
THR
PHE
ALA

TYR
ARG
ASP
SER
GLU
VAL
ARG
GLU
ALA
SER
ASP
MET
PRO
GLN
ALA
THR
VAL
THR
ASN
SER
GLU
GLY
ALA
GLY
VAL
ASP
GLU
ASN
GLY
PHE
GLN
VAL
PRO
PHE
GLY
GLY
ALA
PRO
SER
ILE
SER
PRO
VAL
GLY
SER
GLY
VAL
GLN
TYR
VAL
ARG
VAL
PRO
LYS
SER
THR
ARG
ALA
GLY
SER
ALA
ARG
LEU
ASP
PHE
VAL
THR
PHE
ALA

SER
SER
GLU
GLU
VAL
ALA
SER
GLU
GLN
ALA
SER
PHE
ARG
LEU
ASP
MET
PRO
GLN
ALA
THR
VAL
THR
ASN
SER
GLU
GLY
ALA
GLY
VAL
ASP
GLU
ASN
GLY
PHE
GLN
VAL
PRO
PHE
GLY
GLY
ALA
PRO
SER
ILE
SER
PRO
VAL
GLY
SER
GLY
VAL
GLN
TYR
VAL
ARG
VAL
PRO
LYS
SER
THR
ARG
ALA
GLY
SER
ALA
ARG
LEU
ASP
PHE
VAL
THR
PHE
ALA

● Molecule 47: Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit I



4 Experimental information

Property	Value	Source
EM reconstruction method	SINGLE PARTICLE	Depositor
Imposed symmetry	POINT, C1	Depositor
Number of particles used	74772	Depositor
Resolution determination method	FSC 0.143 CUT-OFF	Depositor
CTF correction method	PHASE FLIPPING AND AMPLITUDE CORRECTION	Depositor
Microscope	FEI POLARA 300	Depositor
Voltage (kV)	300	Depositor
Electron dose ($e^-/\text{\AA}^2$)	40	Depositor
Minimum defocus (nm)	1500	Depositor
Maximum defocus (nm)	3500	Depositor
Magnification	104478	Depositor
Image detector	FEI FALCON III (4k x 4k)	Depositor
Maximum map value	0.529	Depositor
Minimum map value	-0.252	Depositor
Average map value	-0.000	Depositor
Map value standard deviation	0.024	Depositor
Recommended contour level	0.08	Depositor
Map size (Å)	402.0, 402.0, 402.0	wwPDB
Map dimensions	300, 300, 300	wwPDB
Map angles (°)	90.0, 90.0, 90.0	wwPDB
Pixel spacing (Å)	1.34, 1.34, 1.34	Depositor

5 Model quality

5.1 Standard geometry

Bond lengths and bond angles in the following residue types are not validated in this section: PSU, MA6, GCP, M2G, ZN, MG, 1MG, AYA, 7MG, H2U, 5MC, 2MG, C4J, 1MA, RIA, T6A

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	1	0.40	0/1529	0.74	3/2376 (0.1%)
2	2	0.37	0/41987	0.75	39/65416 (0.1%)
3	3	0.38	0/797	0.76	2/1233 (0.2%)
4	A	0.54	0/1742	1.04	0/2383
5	B	0.48	0/1813	0.94	2/2438 (0.1%)
6	C	0.51	0/1678	1.00	0/2277
7	D	0.50	0/1800	0.98	0/2421
8	E	0.48	0/2122	0.91	0/2861
9	F	0.54	0/1628	1.07	0/2198
10	G	0.53	0/1855	0.96	1/2479 (0.0%)
11	H	0.56	0/1507	1.01	0/2028
12	I	0.46	0/1515	0.94	0/2029
13	J	0.50	0/1495	1.11	4/2001 (0.2%)
14	K	0.54	0/831	1.07	2/1123 (0.2%)
15	L	0.49	0/1276	0.84	0/1718
16	M	0.62	0/891	1.01	1/1201 (0.1%)
17	N	0.53	0/1218	1.07	0/1638
18	O	0.52	0/965	1.01	1/1295 (0.1%)
19	P	0.53	0/942	1.02	3/1269 (0.2%)
20	Q	0.51	0/1125	0.98	0/1510
21	R	0.60	0/1044	1.05	0/1402
22	S	0.53	0/1208	1.03	0/1624
23	T	0.49	0/1129	1.05	0/1520
24	U	0.56	0/857	1.00	0/1158
25	V	0.46	0/696	0.89	1/938 (0.1%)
26	W	0.47	0/1039	1.01	0/1399
27	X	0.51	0/1137	0.91	2/1516 (0.1%)
28	Y	0.46	0/1075	0.90	0/1433
29	Z	0.52	0/603	1.00	0/814
30	a	0.55	0/825	0.97	4/1106 (0.4%)
31	b	0.50	0/619	0.85	0/837
32	c	0.51	0/501	0.89	2/673 (0.3%)

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	# Z >5	RMSZ	# Z >5
33	d	0.41	0/473	0.90	0/629
34	e	0.52	0/480	0.97	0/640
35	f	0.52	0/597	0.83	0/795
36	g	0.49	0/2523	0.79	1/3434 (0.0%)
37	h	0.42	0/234	0.95	0/300
38	i	0.49	0/969	0.92	0/1287
39	j	0.58	0/2034	0.93	0/2737
40	k	0.59	0/3167	0.88	1/4278 (0.0%)
41	l	0.56	0/1051	0.83	0/1402
42	m	0.59	0/1164	0.94	2/1575 (0.1%)
43	o	0.55	0/4140	1.01	5/5608 (0.1%)
44	p	0.57	0/5245	0.82	1/7115 (0.0%)
45	q	0.58	0/4523	1.00	5/6114 (0.1%)
46	r	0.53	0/399	0.82	0/535
47	s	0.57	0/2669	0.81	0/3611
All	All	0.48	0/109117	0.87	82/156374 (0.1%)

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

Mol	Chain	#Chirality outliers	#Planarity outliers
2	2	1	0
20	Q	0	1
44	p	0	2
All	All	1	3

There are no bond length outliers.

All (82) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
2	2	277	U	C2'-C3'-O3'	8.87	122.80	109.50
2	2	1470	C	C2'-C3'-O3'	8.62	122.43	109.50
2	2	1080	A	C4'-C3'-O3'	8.58	122.27	109.40
2	2	279	U	C2'-C3'-O3'	8.34	122.01	109.50
14	K	63	TYR	N-CA-C	7.83	123.30	113.43
2	2	1430	U	C4'-C3'-O3'	7.81	121.12	109.40
43	o	927	PRO	N-CA-CB	7.48	110.03	102.17
2	2	1765	G	C4'-C3'-O3'	7.37	120.45	109.40
2	2	542	C	C2'-C3'-O3'	7.30	120.45	109.50
2	2	1206	C	C2'-C3'-O3'	7.29	120.44	109.50

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
2	2	1455	C	C4'-C3'-O3'	7.28	120.33	109.40
2	2	685	A	C2'-C3'-O3'	7.20	124.50	113.70
43	o	933	PRO	N-CA-CB	6.85	110.44	103.25
43	o	936	PRO	N-CA-CB	6.85	110.44	103.25
2	2	1430	U	C2'-C3'-O3'	6.84	119.76	109.50
43	o	939	PRO	N-CA-CB	6.77	110.45	103.00
43	o	930	PRO	N-CA-CB	6.73	110.30	102.76
1	1	74	C	C2'-C3'-O3'	6.60	119.39	109.50
2	2	620	A	C4'-C3'-O3'	-6.55	103.17	113.00
2	2	616	U	N1-C1'-C2'	6.39	121.59	112.00
13	J	143	ILE	CA-C-N	6.32	126.07	119.05
13	J	143	ILE	C-N-CA	6.32	126.07	119.05
3	3	35	C	C2'-C3'-O3'	6.29	118.94	109.50
2	2	700	C	C2'-C3'-O3'	6.25	123.07	113.70
2	2	1057	U	C4'-C3'-O3'	6.20	118.71	109.40
2	2	542	C	C4'-C3'-O3'	6.20	118.69	109.40
32	c	46	GLY	CA-C-N	6.19	127.58	119.84
32	c	46	GLY	C-N-CA	6.19	127.58	119.84
2	2	828	A	C2'-C3'-O3'	6.15	118.72	109.50
2	2	66	U	C4'-C3'-O3'	6.14	118.61	109.40
2	2	239	C	C2'-C3'-O3'	6.04	118.56	109.50
2	2	130	C	C4'-C3'-O3'	6.03	118.44	109.40
14	K	41	PHE	N-CA-CB	5.96	119.53	110.28
2	2	1765	G	C2'-C3'-O3'	5.88	118.32	109.50
2	2	828	A	C4'-C3'-O3'	5.76	118.04	109.40
2	2	1513	A	C2'-C3'-O3'	5.75	122.33	113.70
1	1	7	G	C4'-C3'-O3'	5.74	118.00	109.40
2	2	299	A	C4'-C3'-O3'	-5.73	104.40	113.00
2	2	1198	G	C2'-C3'-O3'	5.71	122.26	113.70
45	q	629	GLU	CA-C-N	5.70	123.83	120.24
45	q	629	GLU	C-N-CA	5.70	123.83	120.24
1	1	74	C	C4'-C3'-O3'	5.69	117.93	109.40
19	P	86	VAL	CA-C-N	5.67	126.93	119.84
19	P	86	VAL	C-N-CA	5.67	126.93	119.84
2	2	1571	A	C2'-C3'-O3'	5.66	118.00	109.50
45	q	299	LEU	CA-C-N	5.59	123.76	120.24
45	q	299	LEU	C-N-CA	5.59	123.76	120.24
2	2	721	U	C4'-C3'-O3'	5.58	117.78	109.40
13	J	168	ARG	CA-C-N	5.57	126.80	119.84
13	J	168	ARG	C-N-CA	5.57	126.80	119.84
2	2	609	G	C4'-C3'-O3'	-5.55	104.67	113.00
5	B	205	PHE	CA-C-N	5.50	126.71	119.84

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
5	B	205	PHE	C-N-CA	5.50	126.71	119.84
40	k	128	PHE	N-CA-C	5.48	117.74	109.41
2	2	1198	G	C4'-C3'-O3'	5.44	121.16	113.00
2	2	1571	A	C4'-C3'-O3'	5.41	117.52	109.40
2	2	74	U	C2'-C3'-O3'	5.40	117.61	109.50
2	2	392	C	C4'-C3'-O3'	-5.39	104.91	113.00
2	2	1479	C	C4'-C3'-O3'	5.37	117.45	109.40
25	V	41	GLU	N-CA-C	5.36	117.87	111.71
27	X	41	SER	CA-C-N	5.33	124.52	118.97
27	X	41	SER	C-N-CA	5.33	124.52	118.97
16	M	24	VAL	N-CA-CB	5.28	117.71	110.54
18	O	28	VAL	N-CA-C	-5.27	100.86	108.87
45	q	494	ASN	N-CA-C	5.25	117.08	111.36
3	3	35	C	C4'-C3'-O3'	5.24	117.25	109.40
2	2	74	U	C4'-C3'-O3'	5.23	117.24	109.40
44	p	631	HIS	N-CA-C	5.19	115.13	108.34
2	2	1103	U	C1'-C2'-O2'	5.17	116.16	108.40
36	g	195	ILE	N-CA-C	5.17	120.09	109.34
2	2	1086	A	C4'-C3'-O3'	-5.15	105.28	113.00
42	m	143	ASN	CA-C-N	5.14	123.41	119.66
42	m	143	ASN	C-N-CA	5.14	123.41	119.66
19	P	86	VAL	CB-CA-C	5.13	115.11	110.13
30	a	100	ARG	CA-C-N	5.12	126.25	119.84
30	a	100	ARG	C-N-CA	5.12	126.25	119.84
2	2	1086	A	N9-C1'-C2'	5.12	119.68	112.00
2	2	1455	C	C2'-C3'-O3'	5.12	117.18	109.50
30	a	96	ALA	CA-C-N	5.10	123.39	119.66
30	a	96	ALA	C-N-CA	5.10	123.39	119.66
10	G	67	VAL	N-CA-C	-5.08	105.18	112.35
2	2	68	A	C4'-C3'-O3'	-5.05	105.42	113.00

All (1) chirality outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atom
2	2	1190	C4J	C4'

All (3) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
20	Q	40	GLN	Peptide
44	p	336	TRP	Peptide
44	p	391	GLN	Peptide

5.2 Too-close contacts

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in 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	1	1639	0	852	6	0
2	2	37812	0	19023	507	0
3	3	719	0	371	47	0
4	A	1702	0	1695	31	0
5	B	1797	0	1870	24	0
6	C	1648	0	1727	28	0
7	D	1774	0	1855	19	0
8	E	2078	0	2157	56	0
9	F	1609	0	1679	31	0
10	G	1832	0	1919	17	0
11	H	1483	0	1579	26	0
12	I	1489	0	1504	34	0
13	J	1471	0	1554	36	0
14	K	809	0	810	10	0
15	L	1248	0	1311	22	0
16	M	885	0	917	10	0
17	N	1195	0	1263	18	0
18	O	954	0	983	15	0
19	P	923	0	960	9	0
20	Q	1105	0	1170	20	0
21	R	1033	0	1082	14	0
22	S	1189	0	1211	23	0
23	T	1110	0	1124	26	0
24	U	845	0	913	18	0
25	V	687	0	682	10	0
26	W	1021	0	1056	21	0
27	X	1119	0	1198	15	0
28	Y	1061	0	1111	15	0
29	Z	594	0	590	7	0
30	a	812	0	855	15	0
31	b	609	0	630	6	0
32	c	499	0	536	12	0
33	d	461	0	448	12	0
34	e	472	0	508	5	0
35	f	584	0	604	5	0
36	g	2469	0	2403	34	0
37	h	233	0	284	5	0

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
38	i	958	0	957	5	0
39	j	2006	0	2066	9	0
40	k	3123	0	3234	22	0
41	l	1036	0	1080	8	0
42	m	1140	0	1141	7	0
43	o	4070	0	3935	53	0
44	p	5114	0	4934	33	0
45	q	4827	0	4561	18	0
46	r	392	0	382	0	0
47	s	2606	0	2528	11	0
48	2	116	0	0	0	0
48	k	1	0	0	0	0
49	a	1	0	0	0	0
49	b	1	0	0	0	0
49	f	1	0	0	2	0
49	l	1	0	0	0	0
49	m	1	0	0	0	0
50	k	8	0	8	0	0
51	k	32	0	14	0	0
All	All	104404	0	85274	1163	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 6.

All (1163) 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)
3:3:17[A]:C:N4	43:o:41:ARG:HB3	1.38	1.39
3:3:16[A]:U:N3	43:o:78:LEU:HD22	1.36	1.35
3:3:16[A]:U:N3	43:o:78:LEU:CD2	1.94	1.31
3:3:16[A]:U:C2	43:o:78:LEU:CD2	2.19	1.25
3:3:16[A]:U:C2	43:o:78:LEU:HD22	1.73	1.24
2:2:28:A:N1	2:2:597:U:C4	2.07	1.22
2:2:28:A:N1	2:2:597:U:O4	1.81	1.13
2:2:617:U:C4	2:2:1086:A:C2	2.37	1.13
2:2:617:U:O4	2:2:1086:A:N1	1.81	1.13
2:2:28:A:C2	2:2:597:U:C5	2.41	1.09
2:2:1427:G:H1'	24:U:74:GLU:HG2	1.31	1.07
2:2:760:A:N1	2:2:789:U:C4	2.22	1.07
3:3:16[A]:U:O2'	43:o:38:ARG:HB3	1.51	1.06
3:3:17[A]:C:C5	43:o:42:TRP:NE1	2.26	1.03

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:3:15[A]:C:O2	43:o:77:LYS:O	1.75	1.03
2:2:617:U:C4	2:2:1086:A:N1	2.27	1.01
3:3:17[A]:C:N4	43:o:41:ARG:CB	2.23	1.01
2:2:1290:G:H22	2:2:1323:G:N2	1.57	1.01
2:2:28:A:C2	2:2:597:U:C4	2.52	0.97
2:2:984:G:H1	2:2:1015:C:H5	1.10	0.97
2:2:1290:G:H22	2:2:1323:G:H22	1.07	0.96
2:2:1086:A:H2'	2:2:1087:A:C8	2.00	0.95
2:2:989:C:H5	2:2:1013:G:H1	1.17	0.92
3:3:16[A]:U:O2	43:o:38:ARG:HA	1.69	0.92
2:2:946:U:HO2'	2:2:947:G:H8	0.97	0.92
2:2:28:A:H2	2:2:597:U:C5	1.83	0.90
2:2:760:A:N1	2:2:789:U:O4	2.04	0.90
3:3:17[A]:C:C4	43:o:42:TRP:CD1	2.59	0.90
2:2:617:U:O4	2:2:1086:A:C6	2.25	0.89
3:3:17[A]:C:H41	43:o:41:ARG:HB3	0.98	0.88
3:3:16[A]:U:N3	43:o:78:LEU:HD23	1.85	0.88
2:2:617:U:O4	2:2:1086:A:C2	2.24	0.87
2:2:617:U:C5	2:2:1086:A:C2	2.62	0.87
2:2:293:C:H2'	2:2:294:A:H5''	1.56	0.87
2:2:1290:G:N2	2:2:1323:G:H22	1.72	0.86
2:2:1170:A:H2'	2:2:1171:G:C8	2.10	0.86
2:2:548:G:H1	2:2:588:C:H5	0.90	0.86
2:2:299:A:H2'	2:2:300:A:C8	2.10	0.85
2:2:868:A:H61	2:2:957:U:H5	1.19	0.85
4:A:124:THR:HG22	4:A:174:TRP:HE1	1.41	0.85
3:3:16[A]:U:H3	43:o:78:LEU:HD22	1.04	0.85
2:2:1292:U:H5	2:2:1321:A:N1	1.75	0.85
2:2:760:A:C2	2:2:789:U:C5	2.65	0.84
2:2:888:U:H3	2:2:922:A:H2	1.24	0.84
2:2:1427:G:C1'	24:U:74:GLU:HG2	2.07	0.83
2:2:1086:A:O2'	2:2:1141:A:O2'	1.94	0.83
6:C:170:VAL:HG11	6:C:215:THR:HA	1.58	0.83
2:2:168:A:H5''	10:G:176:GLN:HG2	1.59	0.82
13:J:148:VAL:HG11	13:J:156:ILE:HD11	1.61	0.81
15:L:54:ILE:HG23	15:L:55:ASP:H	1.44	0.81
2:2:867:G:H1	2:2:959:U:H3	1.26	0.81
3:3:16[A]:U:O2'	43:o:38:ARG:CB	2.28	0.81
3:3:16[A]:U:C2'	43:o:38:ARG:HB3	2.10	0.81
2:2:121:U:H2'	2:2:122:U:C6	2.15	0.80
2:2:1396:U:H3'	2:2:1397:C:H5'	1.63	0.80

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:3:16[A]:U:C2	43:o:78:LEU:HD21	2.19	0.78
2:2:760:A:C2	2:2:789:U:C4	2.71	0.78
3:3:17[A]:C:H42	43:o:41:ARG:HB3	1.47	0.77
6:C:86:MET:HE3	6:C:191:LYS:HB3	1.67	0.77
2:2:1174:U:H5	2:2:1462:G:O6	1.67	0.77
2:2:1086:A:C2	2:2:1087:A:C6	2.73	0.77
2:2:1408:A:HO2'	2:2:1409:A:H8	1.32	0.76
2:2:291:U:H2'	2:2:292:U:C6	2.21	0.76
2:2:548:G:N1	2:2:588:C:H5	1.76	0.76
3:3:16[A]:U:C1'	43:o:38:ARG:NE	2.47	0.76
36:g:70:GLN:HG2	36:g:86:TRP:HE1	1.50	0.75
7:D:105:MET:HG2	7:D:122:VAL:HG21	1.67	0.75
2:2:328:G:H5''	12:I:98:LYS:HB3	1.68	0.75
2:2:452:U:O2	2:2:452:U:H2'	1.85	0.75
2:2:789:U:H5	2:2:790:A:C4	2.04	0.75
2:2:1768:U:H2'	2:2:1769:U:C6	2.21	0.75
3:3:16[A]:U:O2'	43:o:38:ARG:NE	2.19	0.75
2:2:617:U:O4	2:2:1085:A:N6	2.21	0.74
2:2:28:A:C6	2:2:597:U:O4	2.42	0.73
27:X:68:ILE:HD13	34:e:9:ALA:HB2	1.70	0.73
3:3:17[A]:C:H41	43:o:41:ARG:CB	1.91	0.73
2:2:1143:U:H2'	2:2:1144:U:C6	2.23	0.73
2:2:979:G:H4'	2:2:1774:A:H4'	1.71	0.73
2:2:1408:A:O2'	2:2:1409:A:C8	2.40	0.72
17:N:54:LEU:HB3	17:N:60:VAL:HB	1.71	0.72
21:R:34:LEU:O	21:R:38:ILE:HG13	1.89	0.72
41:l:129:LEU:H	41:l:130:PRO:HD2	1.54	0.72
2:2:1188:A:H8	2:2:1193:A:HO2'	1.38	0.72
3:3:16[A]:U:O2	43:o:78:LEU:HD22	1.89	0.71
33:d:2:ALA:HA	33:d:7:TRP:HB2	1.71	0.71
13:J:84:GLY:HA3	13:J:107:ARG:HH11	1.56	0.70
2:2:1279:C:O2	2:2:1426:2MG:HM22	1.91	0.70
3:3:16[A]:U:O2	43:o:78:LEU:CD2	2.39	0.70
28:Y:57:VAL:HB	28:Y:60:PHE:HE1	1.57	0.70
7:D:59:VAL:HA	7:D:66:ILE:HG12	1.74	0.70
2:2:1279:C:O2	2:2:1426:2MG:CM2	2.40	0.69
2:2:1171:G:H21	23:T:88:VAL:CG2	2.04	0.69
2:2:864:A:N1	2:2:964:U:H5	1.90	0.69
2:2:1788:A:H2'	2:2:1789:A:C8	2.28	0.69
8:E:9:LEU:HB2	8:E:30:ARG:HB2	1.74	0.69
3:3:17[A]:C:N4	43:o:42:TRP:CD1	2.61	0.69

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:1418:C:H5''	2:2:1418:C:H6	1.56	0.69
31:b:21:LEU:HA	31:b:26:GLN:HG2	1.74	0.69
2:2:1206:C:H42	2:2:1454:C:H5	1.40	0.68
33:d:36:LEU:HB3	33:d:38:ILE:HD13	1.74	0.68
4:A:11:SER:HA	21:R:115:LEU:HD23	1.75	0.68
24:U:82:TYR:HB3	33:d:52:PHE:HB3	1.74	0.68
2:2:1292:U:C5	2:2:1321:A:N1	2.62	0.68
8:E:108:ARG:H	8:E:108:ARG:HD2	1.59	0.68
24:U:58:LEU:HD21	24:U:90:TYR:HD2	1.57	0.68
2:2:1408:A:O2'	2:2:1409:A:H8	1.78	0.67
2:2:1289:PSU:H2'	2:2:1290:G:C8	2.30	0.67
3:3:16[A]:U:H1'	43:o:38:ARG:HA	1.76	0.67
8:E:182:TYR:HD2	8:E:228:ILE:HD12	1.59	0.67
2:2:815:G:H21	11:H:110:GLN:HE22	1.43	0.67
3:3:16[A]:U:C4	43:o:78:LEU:HD23	2.30	0.67
2:2:140:A:H61	10:G:187:LYS:HB2	1.59	0.67
8:E:18:TRP:HD1	8:E:20:LEU:HD11	1.61	0.66
4:A:50:VAL:HG13	21:R:109:LEU:HD11	1.77	0.66
2:2:447:C:OP2	8:E:49:ARG:NH2	2.28	0.66
8:E:191:ARG:HH22	8:E:216:ASN:HD22	1.42	0.66
2:2:10:G:C6	2:2:1631:A:C2	2.83	0.66
2:2:828:A:H4'	2:2:829:U:O5'	1.95	0.66
3:3:16[A]:U:C2'	43:o:38:ARG:HE	2.08	0.66
44:p:77:GLN:O	44:p:77:GLN:HG2	1.96	0.65
2:2:1198:G:N3	2:2:1198:G:H3'	2.11	0.65
2:2:131:C:H4'	2:2:132:U:H4'	1.77	0.65
28:Y:29:HIS:HE1	28:Y:69:SER:HB2	1.60	0.65
2:2:1564:U:H5''	22:S:39:GLY:H	1.62	0.65
2:2:617:U:O4	2:2:1085:A:C6	2.50	0.65
2:2:1579:C:H4'	20:Q:135:ARG:O	1.95	0.65
2:2:616:U:H2'	2:2:617:U:O2	1.96	0.65
35:f:139:CYS:SG	49:f:501:ZN:ZN	1.86	0.65
45:q:645:ILE:HG13	45:q:646:PRO:HD3	1.79	0.65
3:3:16[A]:U:C2'	43:o:38:ARG:NE	2.60	0.65
11:H:64:VAL:HG22	11:H:94:ALA:HB1	1.79	0.65
2:2:298:A:H2'	2:2:299:A:H5'	1.79	0.65
17:N:46:THR:HB	17:N:86:GLU:HG3	1.79	0.65
22:S:123:ARG:HG2	22:S:133:VAL:CG1	2.27	0.65
2:2:887:U:H2'	2:2:888:U:C6	2.33	0.64
2:2:168:A:C5'	10:G:176:GLN:HG2	2.27	0.64
42:m:96:PHE:HA	42:m:130:MET:HE1	1.80	0.64

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:1086:A:HO2'	2:2:1141:A:HO2'	1.36	0.64
8:E:141:THR:OG1	8:E:145:ARG:HB3	1.98	0.64
2:2:1034:G:OP1	17:N:2:GLY:HA2	1.98	0.64
3:3:16[A]:U:H3	43:o:78:LEU:CD2	1.82	0.64
21:R:116:LYS:HD2	21:R:117:LEU:H	1.62	0.64
12:I:57:ALA:HB2	12:I:178:GLY:HA2	1.77	0.64
19:P:85:ILE:HB	19:P:112:VAL:HA	1.80	0.64
2:2:1588:G:OP1	23:T:91:HIS:HB2	1.98	0.63
22:S:42:TYR:HA	22:S:85:PHE:HE1	1.63	0.63
2:2:760:A:H2	2:2:789:U:C5	2.16	0.63
11:H:162:ILE:HG23	11:H:165:LYS:HB3	1.81	0.63
2:2:1141:A:H5''	30:a:2:PRO:HB3	1.81	0.63
2:2:1314:U:H2'	2:2:1315:G:O4'	1.98	0.63
13:J:39:LYS:HA	13:J:42:ILE:HD12	1.80	0.63
2:2:935:G:N7	30:a:15:ARG:NH1	2.46	0.63
2:2:1188:A:H8	2:2:1193:A:O2'	1.81	0.63
2:2:968:C:H4'	2:2:1103:U:O2'	1.99	0.62
2:2:1025:A:N7	2:2:1770:C:O2'	2.26	0.62
8:E:128:LYS:HB3	8:E:140:VAL:HB	1.81	0.62
36:g:260:THR:HG22	36:g:269:ILE:HG12	1.80	0.62
2:2:1170:A:H2'	2:2:1171:G:H8	1.63	0.62
23:T:113:VAL:HA	23:T:128:GLY:HA3	1.82	0.62
2:2:207:U:H2'	2:2:208:U:C6	2.34	0.62
20:Q:82:ARG:HE	20:Q:116:LEU:HG	1.64	0.62
2:2:1679:A:C8	10:G:66:GLY:HA3	2.35	0.62
26:W:90:THR:HG23	26:W:94:LEU:HD12	1.81	0.62
2:2:1243:A:H2'	2:2:1243:A:N3	2.13	0.62
2:2:122:U:O2	2:2:294:A:H2	1.83	0.62
2:2:1531:C:H4'	2:2:1537:G:O6	2.00	0.61
44:p:77:GLN:HG3	44:p:132:GLY:H	1.65	0.61
6:C:50:VAL:HG21	6:C:73:ILE:HG23	1.83	0.61
2:2:789:U:C5	2:2:790:A:C4	2.87	0.61
15:L:14:GLN:HB3	15:L:54:ILE:HG21	1.83	0.61
20:Q:78:VAL:HA	20:Q:81:ILE:HD12	1.82	0.61
2:2:597:U:O4	2:2:598:A:C6	2.54	0.61
2:2:786:G:H4'	8:E:255:ARG:HH12	1.66	0.61
2:2:1086:A:C2	2:2:1087:A:N1	2.68	0.61
2:2:1188:A:C8	2:2:1193:A:O2'	2.54	0.61
6:C:86:MET:HG2	6:C:216:LEU:HD11	1.81	0.61
2:2:398:A:H4'	8:E:3:ARG:HB2	1.83	0.61
47:s:98:ARG:HB3	47:s:111:ILE:HD12	1.82	0.61

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:13:C:H42	1:1:22:G:H1	1.49	0.60
36:g:86:TRP:HA	36:g:110:ASP:HB2	1.82	0.60
2:2:294:A:C2	2:2:295:U:C2	2.88	0.60
5:B:143:THR:HG21	5:B:156:ALA:HB2	1.83	0.60
19:P:90:ILE:HA	19:P:107:ILE:HG22	1.82	0.60
4:A:124:THR:HG22	4:A:174:TRP:NE1	2.14	0.60
13:J:109:LEU:HB2	13:J:146:PHE:HB3	1.84	0.60
2:2:406:A:H2'	2:2:407:C:C6	2.36	0.60
2:2:1613:C:H3'	9:F:83:ARG:HD3	1.83	0.60
44:p:356:LEU:HB3	44:p:375:PRO:HD2	1.83	0.60
2:2:1033:C:HO2'	26:W:2:THR:N	1.99	0.60
2:2:1456:G:H2'	2:2:1456:G:N3	2.17	0.60
18:O:83:ILE:HD12	30:a:44:ILE:HG12	1.84	0.60
7:D:98:ALA:HA	7:D:188:ILE:HD12	1.84	0.60
2:2:1518:U:H5''	23:T:75:LYS:HE2	1.82	0.60
18:O:17:ALA:HB3	18:O:81:ILE:HA	1.84	0.60
5:B:113:MET:HE1	5:B:211:HIS:HD2	1.67	0.59
8:E:122:LYS:HB2	8:E:164:LEU:HD13	1.83	0.59
10:G:58:LYS:HA	10:G:107:ALA:HB2	1.84	0.59
2:2:1630:C:N4	2:2:1631:A:H62	1.99	0.59
4:A:184:LEU:HD23	25:V:45:ALA:HB2	1.84	0.59
18:O:80:HIS:HA	18:O:113:GLY:O	2.02	0.59
1:1:18:G:N3	1:1:18:G:H2'	2.16	0.59
2:2:116:U:H3	2:2:299:A:H2	1.50	0.59
2:2:789:U:C5	2:2:790:A:C5	2.91	0.59
47:s:220:SER:HB3	47:s:234:TYR:HB2	1.84	0.59
7:D:137:VAL:HG22	7:D:151:LYS:HG3	1.85	0.59
40:k:462:LEU:HD22	40:k:503:ARG:HG2	1.84	0.59
2:2:28:A:H2'	2:2:29:U:O4'	2.03	0.59
2:2:967:U:H1'	2:2:1102:U:O2'	2.01	0.59
6:C:178:PRO:O	6:C:181:SER:HB2	2.03	0.59
16:M:34:LEU:HD13	16:M:36:ARG:HE	1.68	0.59
2:2:12:U:H2'	2:2:13:C:C6	2.37	0.58
2:2:122:U:N3	2:2:294:A:C2	2.68	0.58
2:2:384:A:H5''	12:I:22:ARG:HB3	1.84	0.58
2:2:1290:G:H1	2:2:1323:G:H1	1.51	0.58
15:L:54:ILE:HG23	15:L:55:ASP:N	2.18	0.58
40:k:353:ILE:HG12	40:k:417:VAL:HG12	1.84	0.58
15:L:66:ILE:HG13	15:L:140:LEU:HD21	1.85	0.58
24:U:34:LEU:HD21	24:U:89:ARG:HD3	1.84	0.58
43:o:244:VAL:HG12	43:o:285:ASN:HD22	1.68	0.58

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
4:A:48:ILE:HG21	4:A:161:PRO:HB2	1.85	0.58
8:E:95:THR:HG22	28:Y:16:PRO:HD2	1.84	0.58
22:S:100:SER:HB3	22:S:105:LEU:HA	1.85	0.58
2:2:1670:G:H2'	2:2:1671:G:C8	2.38	0.58
15:L:19:ILE:HG12	15:L:34:TRP:HB2	1.86	0.58
32:c:15:VAL:HA	32:c:28:VAL:HG12	1.86	0.58
2:2:760:A:C6	2:2:789:U:O4	2.56	0.58
2:2:1471:U:OP1	9:F:192:ILE:N	2.34	0.58
2:2:1085:A:H2'	2:2:1086:A:C8	2.39	0.58
2:2:28:A:C2	2:2:597:U:H5	2.16	0.58
2:2:1085:A:H2'	2:2:1086:A:O4'	2.03	0.58
8:E:18:TRP:HB3	8:E:20:LEU:HG	1.86	0.58
22:S:87:ASN:H	22:S:99:HIS:CD2	2.22	0.58
3:3:18[A]:U:H6	3:3:18[A]:U:O5'	1.86	0.57
5:B:158:SER:HA	5:B:161:ILE:HD12	1.85	0.57
26:W:40:VAL:HG11	26:W:103:ILE:HD12	1.86	0.57
10:G:21:GLU:HG2	10:G:25:ARG:HH12	1.68	0.57
12:I:26:LYS:HG2	12:I:29:LEU:HD23	1.85	0.57
8:E:156:VAL:O	8:E:157:ASN:HB2	2.05	0.57
44:p:391:GLN:HB3	44:p:392:PRO:HD2	1.85	0.57
2:2:477:A:H2	2:2:509:G:H22	1.53	0.57
2:2:760:A:C2	2:2:761:G:H1'	2.39	0.57
2:2:922:A:N1	2:2:923:A:N6	2.53	0.57
2:2:1593:U:H3	2:2:1598:A:H2	1.52	0.57
3:3:17[A]:C:C5	43:o:42:TRP:CD1	2.86	0.57
28:Y:20:ARG:HD2	28:Y:22:GLN:HE21	1.69	0.57
2:2:294:A:H2'	2:2:295:U:O4'	2.05	0.57
3:3:16[A]:U:O2'	43:o:38:ARG:CG	2.52	0.57
14:K:3:ILE:HG12	14:K:41:PHE:HB2	1.86	0.57
2:2:28:A:C2	2:2:597:U:O4	2.50	0.57
2:2:886:A:H5''	18:O:120:PRO:HB3	1.86	0.57
2:2:1316:C:H2'	2:2:1317:G:O4'	2.04	0.56
2:2:1320:A:H4'	2:2:1321:A:OP1	2.05	0.56
2:2:1631:A:H8	2:2:1631:A:H5'	1.70	0.56
8:E:45:ILE:HA	8:E:61:VAL:HG11	1.87	0.56
8:E:45:ILE:HG13	8:E:61:VAL:HG21	1.87	0.56
10:G:64:LYS:HZ3	10:G:77:LEU:HD22	1.70	0.56
2:2:331:U:OP2	12:I:176:GLN:NE2	2.38	0.56
2:2:946:U:O2'	2:2:947:G:H8	1.77	0.56
5:B:113:MET:HE1	5:B:211:HIS:CD2	2.40	0.56
8:E:11:ARG:NH1	8:E:20:LEU:HB3	2.20	0.56

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
10:G:32:ILE:HG23	10:G:53:ALA:HA	1.87	0.56
15:L:78:THR:HG22	15:L:84:ILE:HD11	1.87	0.56
2:2:509:G:H5''	13:J:176:ARG:HH22	1.69	0.56
2:2:1177:G:H5'	2:2:1189:C:H42	1.70	0.56
2:2:1788:A:C2	2:2:1789:A:C6	2.93	0.56
1:1:9:1MG:H4'	1:1:45:U:H2'	1.87	0.56
2:2:1733:U:H2'	2:2:1734:G:O4'	2.05	0.56
8:E:126:VAL:HG13	8:E:139:VAL:HG23	1.87	0.56
36:g:109:GLY:H	36:g:129:ASP:HB3	1.71	0.56
2:2:150:G:H21	10:G:13:GLN:HE21	1.53	0.56
2:2:864:A:N1	2:2:964:U:C5	2.73	0.56
4:A:64:ILE:HA	4:A:67:ILE:HD12	1.87	0.56
20:Q:54:LEU:HD11	20:Q:112:TYR:HD2	1.71	0.56
2:2:958:U:H2'	2:2:958:U:O2	2.06	0.56
4:A:7:PHE:HE2	25:V:43:GLY:HA2	1.71	0.56
6:C:106:VAL:HG13	6:C:120:ILE:HG12	1.88	0.55
23:T:65:ILE:HG22	23:T:124:ILE:HG23	1.86	0.55
25:V:17:CYS:HB2	25:V:56:SER:HB3	1.88	0.55
36:g:183:VAL:HB	36:g:199:PHE:HB2	1.88	0.55
2:2:124:A:H2'	2:2:125:U:O4'	2.06	0.55
4:A:205:ARG:HH21	4:A:209:GLU:HB3	1.70	0.55
8:E:19:MET:SD	8:E:108:ARG:HG3	2.46	0.55
33:d:38:ILE:HD11	33:d:43:PHE:HD1	1.71	0.55
38:i:39:THR:HG21	38:i:56:LYS:HE3	1.88	0.55
44:p:274:ASN:HB2	44:p:287:PHE:HB3	1.87	0.55
44:p:391:GLN:HB3	44:p:392:PRO:CD	2.35	0.55
2:2:1290:G:N2	2:2:1323:G:N2	2.36	0.55
2:2:1457:C:H5'	22:S:131:LEU:HD22	1.89	0.55
4:A:103:THR:O	4:A:106:SER:HB2	2.06	0.55
9:F:151:VAL:HG21	32:c:66:LEU:HB2	1.87	0.55
47:s:25:LEU:HB3	47:s:37:TRP:HB2	1.89	0.55
2:2:617:U:C5	2:2:1086:A:H2	2.21	0.55
28:Y:43:LYS:O	28:Y:46:GLU:HG2	2.07	0.55
2:2:1024:A:H2'	2:2:1026:A:H5''	1.88	0.55
2:2:1640:G:H5'	37:h:1:MET:HB2	1.87	0.55
17:N:36:GLN:O	17:N:39:LYS:HG2	2.07	0.55
27:X:19:ARG:O	27:X:23:ARG:HG2	2.07	0.55
44:p:472:ARG:HB2	44:p:479:PRO:HD2	1.87	0.55
39:j:75:ARG:H	39:j:84:ASP:HB2	1.71	0.55
2:2:859:U:H1'	11:H:114:ARG:HD2	1.89	0.55
11:H:81:LEU:HB3	11:H:90:VAL:HG21	1.87	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
28:Y:82:ALA:O	28:Y:86:GLU:HB3	2.06	0.55
1:1:8:U:H3	1:1:13:C:H41	1.54	0.55
18:O:80:HIS:HD2	18:O:114:ARG:HB2	1.70	0.55
2:2:746:A:N1	2:2:804:U:H5	2.05	0.54
2:2:762:A:P	13:J:79:ARG:HH22	2.30	0.54
2:2:1100:G:H5''	26:W:76:SER:HB3	1.88	0.54
9:F:122:ILE:HD13	9:F:194:GLU:HA	1.89	0.54
9:F:123:ILE:O	9:F:126:LEU:O	2.25	0.54
15:L:101:GLU:HG2	27:X:13:ARG:HB2	1.87	0.54
2:2:1480:C:H5	2:2:1523:A:H62	1.55	0.54
21:R:93:LEU:HD11	21:R:100:LEU:HD23	1.89	0.54
2:2:875:G:H1'	2:2:943:A:O4'	2.08	0.54
2:2:984:G:N1	2:2:1015:C:H5	1.92	0.54
2:2:1791:G:O2'	30:a:5:ARG:NH2	2.41	0.54
23:T:39:THR:HA	23:T:100:ILE:HD12	1.89	0.54
2:2:1471:U:H2'	2:2:1471:U:O2	2.06	0.54
8:E:31:PRO:HG3	8:E:43:PRO:HG3	1.89	0.54
2:2:1423:A:H1'	6:C:97:ALA:HB1	1.88	0.54
2:2:1586:G:H1	2:2:1606:U:H3	1.55	0.54
24:U:80:ASP:HB2	33:d:54:LYS:HD3	1.89	0.54
2:2:1593:U:H3'	2:2:1594:C:O2	2.08	0.54
3:3:17[A]:C:C4	43:o:42:TRP:HD1	2.19	0.54
22:S:84:TRP:O	22:S:85:PHE:HB2	2.07	0.54
44:p:639:ILE:HD12	44:p:648:LYS:HB3	1.88	0.54
4:A:182:LEU:HB3	4:A:188:LEU:HB2	1.88	0.54
20:Q:12:LYS:HG2	20:Q:17:THR:HG22	1.90	0.54
2:2:175:C:H2'	2:2:176:U:O4'	2.08	0.54
42:m:134:HIS:HD2	42:m:136:LEU:H	1.55	0.54
2:2:597:U:C5	2:2:598:A:C5	2.95	0.54
2:2:1540:G:N2	2:2:1566:C:H2'	2.22	0.54
2:2:1584:A:H5''	20:Q:136:SER:HB2	1.89	0.54
2:2:1679:A:H8	10:G:66:GLY:HA3	1.73	0.54
2:2:1357:G:H1'	23:T:129:LEU:HD22	1.89	0.54
38:i:78:LEU:HB3	38:i:93:HIS:HB3	1.90	0.54
41:l:161:PRO:HG3	41:l:183:LYS:HD2	1.89	0.54
1:1:33:U:OP2	20:Q:143:ARG:NH2	2.41	0.53
22:S:123:ARG:HG2	22:S:133:VAL:HG12	1.90	0.53
29:Z:42:LEU:HD11	29:Z:47:PHE:HB2	1.89	0.53
2:2:922:A:N1	2:2:923:A:C6	2.77	0.53
2:2:1279:C:H5'	33:d:44:ARG:NH2	2.23	0.53
44:p:421:GLU:HG2	44:p:423:PRO:HD2	1.91	0.53

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
11:H:91:ILE:HG21	11:H:129:LEU:HD12	1.90	0.53
2:2:303:U:H2'	2:2:304:C:C6	2.43	0.53
11:H:9:LEU:HD22	11:H:17:GLU:HG2	1.90	0.53
3:3:17[A]:C:H42	43:o:41:ARG:CB	2.10	0.53
13:J:77:ILE:HD11	13:J:93:LEU:HB2	1.91	0.53
15:L:54:ILE:CG2	15:L:55:ASP:H	2.18	0.53
16:M:39:ARG:HE	16:M:43:LYS:HE3	1.73	0.53
27:X:72:VAL:HG21	27:X:96:VAL:HG11	1.89	0.53
2:2:336:G:H3'	15:L:133:LYS:HB2	1.91	0.53
2:2:693:U:H2'	2:2:695:U:C5	2.43	0.53
5:B:90:GLU:HB2	5:B:228:LEU:HD13	1.90	0.53
8:E:12:LEU:HD11	13:J:4:ALA:HB2	1.89	0.53
5:B:213:ARG:HG3	5:B:214:LYS:H	1.72	0.53
28:Y:29:HIS:HE1	28:Y:69:SER:CB	2.21	0.53
2:2:392:C:H2'	2:2:393:C:C6	2.44	0.53
2:2:544:A:H2'	34:e:31:LYS:HE2	1.91	0.53
2:2:1670:G:H2'	2:2:1671:G:H8	1.74	0.53
20:Q:123:ARG:HG3	20:Q:124:PRO:HD2	1.91	0.53
28:Y:57:VAL:HB	28:Y:60:PHE:CE1	2.42	0.53
2:2:350:C:H5	2:2:630:G:H5''	1.74	0.53
8:E:175:PHE:HZ	8:E:208:VAL:HG11	1.73	0.53
5:B:87:ARG:HB2	5:B:101:HIS:HB2	1.90	0.52
36:g:177:ALA:HB2	36:g:209:VAL:HG13	1.90	0.52
45:q:493:GLN:HE22	45:q:495:ASN:HD22	1.55	0.52
2:2:176:U:H2'	2:2:177:U:C6	2.45	0.52
2:2:298:A:C2'	2:2:299:A:H5'	2.38	0.52
2:2:1387:C:O2'	21:R:52:GLY:HA3	2.09	0.52
2:2:1396:U:C3'	2:2:1397:C:H5'	2.37	0.52
2:2:1245:C:O2	2:2:1245:C:O4'	2.25	0.52
2:2:71:A:H3'	2:2:72:A:H5''	1.91	0.52
2:2:1500:G:N7	23:T:102:ARG:NH2	2.58	0.52
2:2:1557:A:O5'	22:S:135:GLY:HA3	2.10	0.52
2:2:1793:U:H1'	30:a:36:ILE:HD11	1.92	0.52
27:X:50:LYS:HG3	27:X:103:LEU:HD23	1.90	0.52
2:2:209:A:H61	2:2:254:U:H3	1.57	0.52
2:2:293:C:C2'	2:2:294:A:H5''	2.34	0.52
5:B:70:LEU:HD22	5:B:82:ARG:HD3	1.91	0.52
8:E:45:ILE:HB	8:E:80:THR:HG22	1.92	0.52
43:o:445:GLN:HB2	43:o:487:ALA:HB1	1.91	0.52
2:2:1171:G:H21	23:T:88:VAL:HG22	1.73	0.52
4:A:112:THR:HG22	4:A:114:SER:H	1.72	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
7:D:120:TYR:O	7:D:123:VAL:HG12	2.10	0.52
21:R:29:GLN:HB3	36:g:86:TRP:CZ3	2.43	0.52
26:W:14:ILE:HD11	26:W:27:ILE:HD11	1.91	0.52
42:m:24:LYS:HG3	42:m:37:LEU:HD11	1.92	0.52
2:2:1427:G:H1'	24:U:74:GLU:CG	2.21	0.52
2:2:1639:C:H4'	37:h:1:MET:N	2.25	0.52
9:F:98:SER:HB3	9:F:178:THR:HG21	1.92	0.52
11:H:9:LEU:HD21	11:H:21:ALA:HB2	1.91	0.52
2:2:306:G:H5''	15:L:103:ARG:HH12	1.74	0.52
7:D:7:LYS:HG2	24:U:27:THR:HG21	1.91	0.52
2:2:516:U:H3	2:2:534:A:H61	1.57	0.52
2:2:1571:A:H4'	2:2:1572:G:O5'	2.10	0.52
2:2:1717:A:H2'	2:2:1718:G:O4'	2.09	0.52
2:2:1780:MA6:H5'	37:h:1:MET:HE3	1.91	0.52
6:C:144:ILE:HG22	6:C:223:ILE:HG23	1.92	0.52
8:E:79:ASP:HB3	8:E:82:PHE:HB2	1.91	0.52
11:H:26:ASP:HB3	11:H:84:LYS:NZ	2.25	0.52
14:K:37:THR:HB	14:K:41:PHE:HE1	1.74	0.52
2:2:1679:A:H2	2:2:1718:G:H21	1.58	0.52
2:2:15:U:H2'	2:2:16:G:O4'	2.10	0.51
11:H:67:LEU:HD13	11:H:94:ALA:HB2	1.92	0.51
18:O:89:THR:HB	18:O:128:LYS:HG3	1.91	0.51
2:2:452:U:O2	2:2:452:U:C2'	2.55	0.51
2:2:1051:U:H3'	2:2:1052:G:C5'	2.40	0.51
9:F:64:ILE:HA	9:F:91:ILE:HD13	1.91	0.51
21:R:89:SER:C	21:R:91:LEU:H	2.17	0.51
42:m:117:LEU:HD23	42:m:141:LEU:HG	1.91	0.51
2:2:614:A:H8	2:2:614:A:H5''	1.76	0.51
7:D:40:ARG:HB3	24:U:110:PRO:HB3	1.92	0.51
7:D:109:LEU:HD12	7:D:175:VAL:HG21	1.92	0.51
2:2:208:U:N3	2:2:255:A:C2	2.77	0.51
2:2:332:A:N6	12:I:27:PHE:HB2	2.26	0.51
2:2:592:U:OP1	13:J:40:ARG:HB2	2.10	0.51
6:C:144:ILE:HD13	6:C:196:ALA:HB1	1.93	0.51
36:g:307:THR:HG22	36:g:321:GLN:HG2	1.91	0.51
2:2:1087:A:C5	2:2:1088:U:H1'	2.46	0.51
13:J:108:ARG:HH21	13:J:110:GLN:HE21	1.58	0.51
2:2:10:G:H8	2:2:1631:A:O2'	1.94	0.51
6:C:83:ASP:HB3	6:C:109:VAL:HG23	1.92	0.51
12:I:81:VAL:HA	12:I:102:VAL:HG12	1.93	0.51
26:W:77:PRO:HG3	27:X:7:ARG:HB3	1.93	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
40:k:230:SER:HB3	40:k:269:PHE:HE2	1.76	0.51
2:2:498:U:H3'	2:2:499:C:H5''	1.93	0.51
2:2:597:U:C5	2:2:598:A:C4	2.98	0.51
2:2:1086:A:C2	2:2:1087:A:C2	2.98	0.51
10:G:7:TYR:HD1	10:G:113:ILE:HG23	1.75	0.51
2:2:10:G:C5	2:2:1631:A:C2	2.99	0.51
5:B:121:ILE:HG12	5:B:161:ILE:HG23	1.92	0.51
13:J:123:HIS:CE1	34:e:37:ARG:HB2	2.45	0.51
2:2:1726:U:H2'	2:2:1727:C:C6	2.46	0.51
11:H:61:PHE:HB3	11:H:95:GLU:HB2	1.93	0.51
16:M:88:LEU:HD22	16:M:91:TRP:HE1	1.76	0.51
25:V:58:TYR:HE2	26:W:20:THR:O	1.94	0.51
30:a:75:ILE:O	30:a:79:ILE:HG12	2.11	0.51
4:A:183:ARG:HG2	4:A:191:ARG:HB3	1.92	0.50
2:2:519:A:H2'	2:2:520:A:O4'	2.12	0.50
2:2:1159:A:H2'	2:2:1160:C:C6	2.46	0.50
2:2:1279:C:O2	2:2:1426:2MG:HM23	2.12	0.50
2:2:1601:U:H2'	2:2:1602:U:C6	2.46	0.50
30:a:21:VAL:HG22	30:a:32:LYS:HA	1.93	0.50
2:2:1085:A:H2'	2:2:1086:A:H8	1.76	0.50
2:2:1771:C:H2'	2:2:1772:G:C8	2.46	0.50
3:3:15[A]:C:H42	43:o:80:GLN:HG3	1.75	0.50
3:3:16[A]:U:O2	43:o:38:ARG:CA	2.53	0.50
13:J:59:LEU:HD13	13:J:73:GLY:HA2	1.93	0.50
26:W:47:ILE:HD11	26:W:65:LEU:HD22	1.94	0.50
2:2:472:A:H4'	2:2:768:C:O2	2.12	0.50
2:2:989:C:H5	2:2:1013:G:N1	1.97	0.50
2:2:1456:G:N3	2:2:1456:G:C2'	2.74	0.50
22:S:136:GLN:H	22:S:136:GLN:HE21	1.58	0.50
23:T:85:ASN:C	23:T:87:GLY:H	2.20	0.50
2:2:1539:G:C6	2:2:1540:G:N1	2.80	0.50
2:2:1540:G:N2	2:2:1566:C:O2'	2.44	0.50
2:2:1544:G:N2	22:S:87:ASN:O	2.44	0.50
4:A:20:ALA:HB1	4:A:169:SER:HA	1.92	0.50
24:U:96:PRO:HD2	24:U:99:ILE:HD11	1.93	0.50
44:p:354:ASP:HB3	44:p:377:GLY:HA2	1.94	0.50
2:2:922:A:C2	2:2:923:A:C6	3.00	0.50
2:2:1367:G:H5''	23:T:69:LYS:HG2	1.92	0.50
2:2:1466:U:H2'	2:2:1467:A:O4'	2.12	0.50
2:2:1558:U:O2	2:2:1558:U:O4'	2.28	0.50
12:I:166:LEU:HD13	12:I:184:ILE:HG12	1.93	0.50

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
33:d:21:CYS:O	33:d:22:ARG:HB3	2.11	0.50
39:j:46:ILE:HD13	39:j:51:LEU:HD13	1.92	0.50
2:2:1472:G:H2'	2:2:1473:A:C8	2.47	0.50
6:C:86:MET:CE	6:C:191:LYS:HB3	2.39	0.50
9:F:156:ALA:HB1	18:O:52:ARG:HH12	1.77	0.50
12:I:107:THR:N	12:I:108:PRO:HD2	2.27	0.50
20:Q:16:ALA:HB2	20:Q:72:GLY:HA3	1.92	0.50
24:U:58:LEU:HD23	24:U:88:LYS:HB3	1.93	0.50
35:f:139:CYS:HG	49:f:501:ZN:ZN	1.23	0.50
8:E:42:LEU:HD12	8:E:101:LEU:HD11	1.93	0.50
12:I:58:LEU:O	12:I:59:ARG:HB2	2.12	0.50
16:M:36:ARG:HH11	16:M:94:LEU:HG	1.77	0.50
26:W:24:GLN:HE22	31:b:4:VAL:HA	1.76	0.50
2:2:454:C:H3'	2:2:455:A:H8	1.77	0.49
2:2:454:C:H3'	2:2:455:A:C8	2.47	0.49
2:2:1533:U:O4'	2:2:1533:U:O2	2.30	0.49
9:F:74:HIS:HB2	9:F:113:VAL:HG21	1.93	0.49
17:N:1:MET:HB3	17:N:11:MET:HB3	1.94	0.49
26:W:7:LEU:HA	26:W:34:ILE:HG12	1.94	0.49
2:2:799:U:H2'	2:2:800:G:C8	2.48	0.49
2:2:1614:G:O2'	32:c:18:ARG:HD2	2.12	0.49
7:D:8:LYS:HE2	24:U:61:LYS:HD3	1.94	0.49
36:g:66:SER:HB2	36:g:87:ASP:HB3	1.94	0.49
44:p:274:ASN:HB3	44:p:336:TRP:HE1	1.77	0.49
2:2:71:A:C3'	2:2:72:A:H5''	2.42	0.49
2:2:141:U:H3	2:2:172:A:H61	1.60	0.49
2:2:328:G:H5'	12:I:99:ALA:HB3	1.94	0.49
2:2:364:G:N2	2:2:376:G:H1'	2.26	0.49
2:2:1400:G:H5'	21:R:4:VAL:HA	1.94	0.49
8:E:180:LEU:HD13	8:E:232:GLY:H	1.77	0.49
13:J:145:SER:O	13:J:147:MET:N	2.41	0.49
22:S:46:VAL:HG21	22:S:73:MET:HB3	1.93	0.49
26:W:20:THR:HG21	26:W:22:LYS:HE2	1.93	0.49
45:q:768:LYS:HB2	45:q:777:VAL:HB	1.95	0.49
2:2:703:G:H3'	2:2:704:C:H3'	1.95	0.49
2:2:1132:A:H2'	2:2:1133:C:O4'	2.12	0.49
6:C:110:GLY:HA3	6:C:195:LEU:HB3	1.93	0.49
45:q:265:ARG:HH11	45:q:302:SER:HB2	1.77	0.49
5:B:109:LYS:HG3	5:B:113:MET:HE3	1.94	0.49
13:J:52:ILE:HG23	13:J:76:LEU:HD11	1.95	0.49
23:T:113:VAL:HA	23:T:128:GLY:CA	2.43	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:867:G:H22	2:2:959:U:H3	1.60	0.49
2:2:1577:U:H2'	2:2:1578:C:C6	2.47	0.49
24:U:58:LEU:HB2	24:U:88:LYS:HB2	1.94	0.49
33:d:21:CYS:O	33:d:38:ILE:HA	2.13	0.49
2:2:635:A:H5''	26:W:31:SER:HB3	1.94	0.49
2:2:1070:U:H2'	2:2:1071:C:C6	2.48	0.49
2:2:1250:U:O2'	35:f:131:ALA:HB1	2.13	0.49
2:2:1554:A:H3'	19:P:40:ARG:HD3	1.94	0.49
2:2:1637:5MC:O2	2:2:1761:A:N1	2.46	0.49
13:J:70:LEU:O	13:J:74:ASN:HB2	2.13	0.49
17:N:88:LEU:HD13	17:N:92:ILE:HD11	1.95	0.49
40:k:466:ILE:HA	40:k:499:ILE:HG12	1.94	0.49
44:p:205:GLN:HE22	44:p:235:TYR:HA	1.77	0.49
2:2:1053:U:H2'	2:2:1054:U:O4'	2.13	0.49
2:2:1711:G:H3'	2:2:1712:A:C8	2.48	0.49
7:D:162:GLN:N	7:D:163:PRO:HD2	2.28	0.49
15:L:99:ARG:NH1	27:X:7:ARG:O	2.40	0.49
17:N:114:ARG:O	17:N:118:ILE:HG12	2.11	0.49
40:k:215:LEU:HD23	40:k:245:ILE:HB	1.94	0.49
22:S:53:ASP:HB3	22:S:56:LYS:HB2	1.94	0.49
26:W:24:GLN:HA	26:W:63:VAL:O	2.12	0.49
28:Y:128:LYS:HG2	28:Y:131:ARG:HH22	1.78	0.49
2:2:888:U:N3	2:2:922:A:H2	2.01	0.49
2:2:1277:G:H2'	2:2:1278:C:O4'	2.13	0.49
6:C:153:LEU:HA	25:V:4:ASP:HB2	1.93	0.49
13:J:127:VAL:HG13	13:J:131:GLN:OE1	2.13	0.49
25:V:60:ARG:HA	25:V:65:ALA:HB2	1.95	0.49
2:2:93:A:O2'	8:E:4:GLY:HA3	2.13	0.48
2:2:122:U:C2	2:2:294:A:H2	2.31	0.48
2:2:1016:U:O4'	2:2:1016:U:O2	2.31	0.48
2:2:1421:U:H2'	2:2:1422:A:O4'	2.13	0.48
3:3:16[A]:U:H1'	43:o:38:ARG:CA	2.43	0.48
6:C:173:ARG:HB3	6:C:204:SER:HB3	1.95	0.48
27:X:59:ILE:CG2	27:X:118:PRO:HD2	2.42	0.48
32:c:18:ARG:HG3	32:c:26:THR:HA	1.94	0.48
22:S:84:TRP:O	22:S:85:PHE:CB	2.61	0.48
25:V:73:ALA:HB1	25:V:78:LEU:HB2	1.94	0.48
2:2:326:U:H2'	2:2:327:A:C8	2.49	0.48
2:2:590:A:H2'	2:2:591:G:C8	2.48	0.48
2:2:1379:U:H1'	2:2:1514:A:N6	2.28	0.48
2:2:1531:C:H4'	2:2:1537:G:C6	2.49	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
16:M:35:ALA:HB2	16:M:115:LYS:HE2	1.96	0.48
23:T:19:ALA:HB2	23:T:56:LYS:HA	1.95	0.48
29:Z:62:VAL:O	29:Z:66:VAL:HG23	2.13	0.48
2:2:397:G:P	12:I:47:ARG:HH22	2.36	0.48
2:2:1292:U:O4'	2:2:1292:U:O2	2.30	0.48
2:2:1457:C:OP2	22:S:126:ARG:NH2	2.47	0.48
12:I:42:ARG:HD2	12:I:58:LEU:HD12	1.96	0.48
36:g:308:LEU:HB3	36:g:320:TRP:HB2	1.95	0.48
40:k:240:LYS:HG3	40:k:498:LYS:HE3	1.96	0.48
2:2:9:U:O2'	2:2:11:A:N7	2.45	0.48
2:2:157:U:O2'	2:2:158:U:H5'	2.13	0.48
2:2:433:G:OP1	27:X:78:LYS:HA	2.13	0.48
2:2:886:A:N6	2:2:923:A:N6	2.61	0.48
2:2:1259:U:O2'	2:2:1260:G:H8	1.97	0.48
15:L:33:ARG:HH21	15:L:51:GLY:C	2.22	0.48
2:2:649:U:H2'	2:2:650:G:H8	1.77	0.48
2:2:917:U:H4'	18:O:18:ARG:HD3	1.95	0.48
2:2:983:G:H1	2:2:1016:U:H5	1.61	0.48
2:2:1210:A:H2'	2:2:1211:G:O4'	2.14	0.48
2:2:1278:C:H2'	2:2:1279:C:O4'	2.14	0.48
6:C:132:ALA:O	6:C:136:ILE:HG12	2.14	0.48
13:J:163:PRO:C	13:J:165:GLY:H	2.22	0.48
17:N:5:HIS:HB3	17:N:117:LEU:HD13	1.94	0.48
1:1:20:A:N3	1:1:20:A:H2'	2.29	0.48
2:2:1114:U:H5''	37:h:10:THR:HG21	1.94	0.48
2:2:1540:G:N2	2:2:1566:C:C2'	2.77	0.48
26:W:41:MET:HG2	26:W:129:VAL:HG11	1.96	0.48
44:p:224:LEU:HD11	44:p:227:SER:HB2	1.94	0.48
45:q:510:THR:HG23	45:q:514:LYS:HD2	1.95	0.48
2:2:100:A:H2'	2:2:101:U:O4'	2.13	0.48
2:2:236:C:H5''	2:2:237:U:H5'	1.94	0.48
2:2:472:A:P	13:J:11:THR:HG21	2.53	0.48
8:E:100:ARG:HH11	8:E:114:ILE:HD13	1.79	0.48
2:2:395:G:O6	12:I:26:LYS:HE3	2.13	0.48
2:2:1043:U:H5	2:2:1073:G:O6	1.97	0.48
14:K:22:VAL:HG23	14:K:23:ALA:H	1.79	0.48
39:j:22:VAL:HG12	39:j:36:LEU:HG	1.96	0.48
2:2:868:A:H2'	2:2:869:C:O4'	2.14	0.48
5:B:188:LEU:HD21	5:B:215:VAL:HG21	1.96	0.48
40:k:243:HIS:HB3	40:k:302:ILE:HG12	1.94	0.48
2:2:789:U:C5	2:2:790:A:C8	3.02	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:1086:A:H2	2:2:1087:A:C2	2.32	0.47
3:3:16[A]:U:H1'	43:o:38:ARG:CD	2.43	0.47
3:3:18[A]:U:C6	3:3:18[A]:U:C5'	2.97	0.47
8:E:193:GLY:HA3	8:E:210:ILE:HG22	1.95	0.47
16:M:35:ALA:HB1	16:M:40:GLU:HB3	1.94	0.47
22:S:132:ARG:HB3	22:S:136:GLN:NE2	2.29	0.47
36:g:179:MET:HA	36:g:205:TYR:HB2	1.96	0.47
2:2:1774:A:H2'	2:2:1775:G:C8	2.48	0.47
9:F:36:GLN:HG3	20:Q:57:LEU:HD22	1.96	0.47
26:W:57:ARG:O	26:W:59:GLY:N	2.47	0.47
36:g:48:LEU:HD21	36:g:309:PHE:HZ	1.80	0.47
41:l:186:ARG:HH12	41:l:244:THR:HG23	1.79	0.47
2:2:878:G:H2'	2:2:879:C:C6	2.49	0.47
4:A:55:GLU:O	4:A:58:VAL:HG12	2.15	0.47
44:p:592:ASN:HD22	44:p:595:VAL:HG13	1.78	0.47
2:2:1084:G:H2'	2:2:1086:A:N7	2.30	0.47
2:2:1769:U:O4	2:2:1788:A:N1	2.48	0.47
7:D:176:LEU:HD12	7:D:176:LEU:H	1.79	0.47
11:H:70:TYR:O	11:H:74:GLN:N	2.42	0.47
17:N:15:ALA:H	31:b:20:LYS:HE3	1.78	0.47
2:2:498:U:H2'	2:2:498:U:O2	2.14	0.47
6:C:88:ILE:HG21	6:C:126:VAL:HG13	1.96	0.47
8:E:47:PHE:O	8:E:52:LEU:HB2	2.15	0.47
8:E:193:GLY:HA3	8:E:210:ILE:CG2	2.44	0.47
20:Q:60:PHE:HD2	20:Q:63:ILE:HG21	1.80	0.47
43:o:40:ILE:HB	43:o:78:LEU:HD13	1.96	0.47
2:2:1560:G:OP1	23:T:89:ARG:NH2	2.47	0.47
22:S:117:LYS:HE3	22:S:128:PHE:HB2	1.97	0.47
36:g:112:LEU:HD11	36:g:128:ARG:HG2	1.97	0.47
36:g:269:ILE:HD12	36:g:279:ASP:HB3	1.96	0.47
43:o:97:ILE:HG23	43:o:162:TYR:HE1	1.80	0.47
2:2:10:G:H8	2:2:1631:A:HO2'	1.55	0.47
2:2:93:A:C6	2:2:397:G:C6	3.03	0.47
2:2:1336:A:N6	2:2:1385:G:H22	2.13	0.47
3:3:16[A]:U:H1'	43:o:38:ARG:CB	2.45	0.47
7:D:38:GLU:HB3	7:D:49:ILE:HB	1.96	0.47
23:T:77:ASN:O	23:T:80:TYR:O	2.33	0.47
40:k:323:VAL:HB	40:k:334:LYS:HB2	1.97	0.47
2:2:67:A:O2'	2:2:69:G:OP1	2.32	0.47
2:2:811:A:H4'	2:2:812:U:H5''	1.96	0.47
2:2:904:A:H5'	18:O:52:ARG:HB3	1.96	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:1343:A:H2'	2:2:1344:A:C8	2.50	0.47
2:2:1584:A:H2'	2:2:1585:A:O4'	2.14	0.47
8:E:256:ARG:HH21	13:J:78:ARG:HD2	1.79	0.47
13:J:27:GLU:HB3	13:J:39:LYS:HD2	1.97	0.47
45:q:258:LEU:HA	45:q:261:ILE:HD12	1.97	0.47
2:2:1206:C:H4'	2:2:1207:A:O5'	2.15	0.47
13:J:117:GLY:O	13:J:119:ALA:N	2.42	0.47
15:L:66:ILE:HG21	15:L:140:LEU:HD11	1.96	0.47
19:P:81:ARG:NH2	19:P:120:SER:O	2.48	0.47
23:T:73:VAL:HG21	23:T:102:ARG:HG3	1.96	0.47
24:U:22:ILE:HG21	24:U:100:VAL:HG11	1.97	0.47
25:V:55:LEU:HB3	25:V:59:ILE:HD11	1.97	0.47
2:2:367:U:C2'	2:2:368:A:H5'	2.45	0.46
2:2:544:A:H4'	2:2:545:C:O5'	2.14	0.46
4:A:148:ASP:HB2	4:A:164:ASN:HB2	1.97	0.46
8:E:187:ARG:NH1	8:E:187:ARG:HB3	2.30	0.46
40:k:236:ILE:HG23	40:k:241:LEU:HB2	1.97	0.46
44:p:112:MET:HG3	44:p:129:VAL:HG22	1.96	0.46
2:2:70:C:H2'	2:2:71:A:O4'	2.13	0.46
2:2:1351:U:H2'	2:2:1352:U:O4'	2.15	0.46
2:2:1581:A:N1	2:2:1609:A:H5''	2.30	0.46
9:F:94:ARG:NH2	9:F:171:ASN:OD1	2.43	0.46
45:q:626:LEU:HA	45:q:630:ILE:HD13	1.95	0.46
6:C:175:ILE:HB	6:C:202:TYR:HB2	1.97	0.46
11:H:27:LEU:HD23	11:H:77:LEU:HD12	1.97	0.46
15:L:99:ARG:HG2	27:X:9:LEU:HA	1.96	0.46
18:O:20:PHE:HB3	18:O:27:PHE:HB2	1.97	0.46
44:p:236:VAL:HB	44:p:245:LEU:HD11	1.97	0.46
2:2:1015:C:O4'	2:2:1015:C:O2	2.33	0.46
2:2:1590:A:H2'	2:2:1591:A:C8	2.50	0.46
6:C:108:VAL:HG12	6:C:195:LEU:HD13	1.97	0.46
15:L:84:ILE:HB	15:L:111:VAL:HG22	1.97	0.46
45:q:280:GLU:HA	45:q:283:LEU:HD12	1.97	0.46
2:2:248:U:H3'	2:2:249:C:H5'	1.96	0.46
2:2:442:C:C5	28:Y:105:ARG:HD3	2.49	0.46
2:2:471:U:O2'	2:2:769:A:N3	2.42	0.46
2:2:1286:A:H4'	2:2:1287:G:OP1	2.14	0.46
9:F:59:SER:HA	32:c:53:ILE:HB	1.98	0.46
9:F:72:VAL:HG21	20:Q:47:LYS:HG2	1.98	0.46
28:Y:53:ASP:HB3	28:Y:96:LEU:HD21	1.96	0.46
44:p:554:TRP:HH2	44:p:581:MET:HG3	1.80	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:1598:A:H2'	2:2:1599:G:H5''	1.98	0.46
8:E:18:TRP:CZ2	8:E:43:PRO:HD3	2.50	0.46
19:P:105:VAL:HG21	19:P:119:PHE:HB3	1.97	0.46
2:2:124:A:H2	2:2:292:U:H3	1.58	0.46
2:2:996:G:H1	2:2:1006:5MC:HN41	1.63	0.46
2:2:1675:C:H5''	12:I:59:ARG:HH12	1.81	0.46
2:2:1457:C:O4'	19:P:126:VAL:HG21	2.15	0.46
9:F:44:LEU:HD21	9:F:92:VAL:HG11	1.98	0.46
12:I:83:TYR:CZ	12:I:196:ARG:HG2	2.50	0.46
16:M:56:VAL:HG21	16:M:85:ALA:HA	1.98	0.46
2:2:353:C:H5''	12:I:16:ALA:HB2	1.98	0.46
2:2:1038:A:O2'	2:2:1039:G:O5'	2.28	0.46
2:2:1144:U:H2'	2:2:1145:G:O4'	2.16	0.46
8:E:173:ILE:HD13	8:E:229:GLY:HA2	1.98	0.46
9:F:202:ASN:CB	9:F:210:SER:HB2	2.46	0.46
22:S:123:ARG:HG2	22:S:133:VAL:HG11	1.97	0.46
25:V:71:ARG:HG3	25:V:83:TRP:CE2	2.51	0.46
44:p:553:SER:HB3	44:p:562:VAL:HB	1.96	0.46
2:2:104:A:N6	2:2:307:C:H5''	2.31	0.46
2:2:337:C:H2'	2:2:338:C:C6	2.51	0.46
2:2:597:U:C4	2:2:598:A:C5	3.04	0.46
2:2:1084:G:H5''	2:2:1084:G:H8	1.81	0.46
2:2:1145:G:C6	2:2:1146:A:C6	3.04	0.46
2:2:1165:A:O2'	2:2:1585:A:H4'	2.15	0.46
2:2:1268:U:H4'	2:2:1269:G:O5'	2.16	0.46
2:2:1418:C:H5'	2:2:1419:A:OP2	2.16	0.46
2:2:1527:C:H2'	2:2:1528:C:C6	2.50	0.46
13:J:119:ALA:HA	13:J:124:HIS:HD2	1.81	0.46
15:L:34:TRP:CH2	15:L:36:LYS:HD2	2.50	0.46
21:R:26:MET:HE2	21:R:62:GLN:HB2	1.98	0.46
2:2:614:A:H5''	2:2:614:A:C8	2.51	0.45
2:2:977:A:H2'	2:2:978:A:O4'	2.16	0.45
2:2:988:U:H2'	2:2:989:C:O4'	2.16	0.45
8:E:71:LYS:HB3	8:E:91:THR:HB	1.98	0.45
11:H:61:PHE:HA	11:H:93:LEU:O	2.17	0.45
12:I:6:ASP:HB3	12:I:28:GLU:HB3	1.98	0.45
32:c:42:ARG:HD2	32:c:56:LEU:HD22	1.98	0.45
2:2:1330:A:N6	7:D:161:GLY:HA3	2.31	0.45
45:q:483:ILE:HA	45:q:486:LEU:HD12	1.99	0.45
47:s:30:LYS:HA	47:s:54:THR:HG23	1.98	0.45
2:2:612:G:H4'	2:2:613:C:OP1	2.16	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:637:U:O2'	11:H:112:ARG:NH2	2.49	0.45
2:2:1626:U:OP1	30:a:89:ARG:HG2	2.16	0.45
9:F:72:VAL:C	9:F:74:HIS:H	2.24	0.45
36:g:84:ALA:HB2	36:g:114:VAL:HG22	1.99	0.45
47:s:179:LYS:HB3	47:s:189:VAL:HB	1.99	0.45
2:2:588:C:O2	2:2:588:C:O4'	2.32	0.45
2:2:1382:A:H2'	2:2:1383:G:O4'	2.16	0.45
8:E:36:HIS:NE2	8:E:88:ASP:OD2	2.50	0.45
15:L:131:ILE:HD11	15:L:138:ASN:HD21	1.81	0.45
40:k:316:ILE:HD11	40:k:343:LEU:HD12	1.97	0.45
2:2:313:C:O2	2:2:353:C:N3	2.50	0.45
2:2:1088:U:O2'	2:2:1092:A:N1	2.48	0.45
3:3:24:U:H5'	3:3:25:A:H5''	1.98	0.45
8:E:50:ASN:HB3	8:E:51:ARG:HH21	1.81	0.45
8:E:160:VAL:CG1	8:E:169:ILE:HG12	2.47	0.45
9:F:158:ARG:HH21	9:F:158:ARG:HB2	1.80	0.45
36:g:94:ASN:HD22	36:g:97:THR:H	1.65	0.45
2:2:245:G:O4'	8:E:202:GLU:HB2	2.16	0.45
2:2:761:G:C2'	2:2:788:A:H61	2.30	0.45
9:F:141:ASN:HB3	9:F:213:ILE:HD11	1.99	0.45
9:F:202:ASN:HB3	9:F:210:SER:HB2	1.99	0.45
43:o:482:ILE:HG23	43:o:489:VAL:HG22	1.99	0.45
2:2:874:G:OP1	5:B:158:SER:N	2.49	0.45
2:2:1757:C:H2'	2:2:1758:G:O4'	2.16	0.45
4:A:120:LEU:HD11	4:A:144:ILE:HD12	1.98	0.45
5:B:61:LEU:HD23	5:B:64:ARG:HD3	1.99	0.45
39:j:186:ALA:HB3	39:j:230:LEU:HG	1.99	0.45
2:2:155:A:H2'	2:2:156:A:O4'	2.16	0.45
2:2:1043:U:O2	2:2:1043:U:O4'	2.34	0.45
2:2:1174:U:C5	2:2:1462:G:O6	2.59	0.45
2:2:1486:G:H3'	2:2:1513:A:H61	1.82	0.45
2:2:1777:U:H2'	2:2:1779:A:OP2	2.17	0.45
5:B:64:ARG:HG3	18:O:36:ARG:HD3	1.99	0.45
6:C:46:LEU:HB2	6:C:245:MET:HE3	1.98	0.45
6:C:170:VAL:HA	6:C:206:THR:O	2.15	0.45
8:E:126:VAL:HG22	8:E:139:VAL:HG21	1.99	0.45
12:I:87:ASN:HB3	12:I:90:LEU:HD13	1.98	0.45
22:S:29:VAL:O	22:S:33:THR:HG23	2.16	0.45
24:U:57:ARG:HG3	24:U:89:ARG:HE	1.80	0.45
32:c:31:GLU:HB3	32:c:39:THR:HG22	1.99	0.45
39:j:132:TRP:HD1	39:j:136:ARG:HE	1.65	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
41:l:139:PHE:HA	41:l:142:LEU:HD12	1.98	0.45
44:p:724:MET:HE3	47:s:209:THR:HG22	1.99	0.45
2:2:798:A:H4'	8:E:201:HIS:CD2	2.52	0.45
2:2:1144:U:N3	2:2:1631:A:C2	2.82	0.45
2:2:1323:G:H4'	4:A:113:ARG:HH21	1.81	0.45
2:2:1448:U:H2'	2:2:1449:C:C6	2.52	0.45
40:k:216:LEU:HD23	40:k:246:ILE:HG12	1.98	0.45
2:2:107:C:H5''	2:2:382:G:C2'	2.47	0.45
2:2:366:A:H2'	2:2:367:U:O4'	2.17	0.45
2:2:987:A:H2'	2:2:988:U:O4'	2.17	0.45
2:2:1263:G:H2'	2:2:1264:G:O4'	2.17	0.45
15:L:55:ASP:OD2	15:L:110:HIS:HE1	1.99	0.45
22:S:86:LEU:HD22	22:S:99:HIS:HB2	1.98	0.45
2:2:649:U:H2'	2:2:650:G:C8	2.52	0.44
2:2:875:G:O2'	2:2:943:A:H5'	2.17	0.44
2:2:886:A:H61	2:2:923:A:N6	2.15	0.44
2:2:958:U:H5''	31:b:28:PRO:HB3	1.99	0.44
2:2:1791:G:N7	30:a:34:LYS:NZ	2.58	0.44
27:X:53:VAL:HG13	27:X:72:VAL:HG22	1.98	0.44
28:Y:15:ASN:HD21	28:Y:18:LEU:HD12	1.81	0.44
36:g:67:HIS:HB3	36:g:86:TRP:HB2	1.99	0.44
45:q:373:VAL:HA	45:q:376:LEU:HD12	1.99	0.44
2:2:293:C:C4	2:2:294:A:N7	2.85	0.44
2:2:459:A:O2'	8:E:27:TYR:OH	2.30	0.44
2:2:1581:A:H62	2:2:1610:U:H5	1.66	0.44
9:F:94:ARG:HH21	9:F:170:VAL:HG12	1.82	0.44
17:N:54:LEU:HD22	17:N:60:VAL:HG21	1.99	0.44
17:N:94:LYS:O	17:N:98:VAL:HG23	2.16	0.44
36:g:115:ALA:HB1	36:g:157:VAL:HG13	1.99	0.44
40:k:142:TYR:HB2	40:k:319:ARG:HH12	1.82	0.44
2:2:609:G:H5'	2:2:611:U:O4	2.18	0.44
5:B:171:ILE:HD13	5:B:197:ILE:HA	1.99	0.44
9:F:168:ARG:HB2	32:c:47:PRO:HD2	1.99	0.44
22:S:86:LEU:HA	22:S:99:HIS:HD2	1.82	0.44
24:U:21:LYS:HG3	24:U:94:GLU:HG3	1.98	0.44
26:W:6:VAL:HG23	26:W:29:PRO:HG2	1.98	0.44
41:l:157:LYS:HE2	41:l:159:ARG:HD2	1.99	0.44
2:2:123:G:H3'	2:2:124:A:H5''	1.99	0.44
2:2:746:A:N1	2:2:804:U:C5	2.86	0.44
2:2:1077:C:H2'	2:2:1078:U:C6	2.53	0.44
2:2:1338:C:O2'	2:2:1340:A:N7	2.50	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:1675:C:H2'	2:2:1676:A:O4'	2.16	0.44
7:D:223:LYS:HB3	36:g:198:ASP:HB2	1.99	0.44
10:G:51:LYS:HD3	10:G:112:ILE:HD12	2.00	0.44
14:K:59:PHE:CZ	14:K:62:GLN:HA	2.52	0.44
43:o:263:VAL:HG12	43:o:267:MET:HE2	2.00	0.44
44:p:706:GLN:HB3	47:s:333:VAL:HG21	2.00	0.44
2:2:788:A:C2	2:2:789:U:H1'	2.52	0.44
2:2:1415:A:H2'	2:2:1416:G:O4'	2.18	0.44
2:2:1418:C:H5''	2:2:1418:C:C6	2.44	0.44
4:A:62:ARG:HA	4:A:184:LEU:HD22	1.99	0.44
4:A:126:PRO:HG2	4:A:147:THR:HG22	1.99	0.44
16:M:129:GLU:HA	16:M:133:GLN:HB2	1.99	0.44
34:e:30:PRO:O	34:e:35:TYR:HB2	2.17	0.44
2:2:517:A:H2'	2:2:518:C:H5''	1.98	0.44
2:2:520:A:N3	28:Y:34:ASN:ND2	2.66	0.44
2:2:1756:U:H2'	2:2:1757:C:C6	2.53	0.44
8:E:32:SER:H	8:E:81:THR:HB	1.83	0.44
2:2:498:U:O2	2:2:498:U:C2'	2.65	0.44
2:2:804:U:H5''	26:W:33:VAL:HG22	1.99	0.44
8:E:11:ARG:HA	8:E:28:ALA:HB2	1.99	0.44
40:k:214:ALA:HB3	40:k:244:VAL:HG22	2.00	0.44
43:o:445:GLN:HG2	43:o:489:VAL:HG23	1.98	0.44
2:2:17:C:O2'	2:2:1136:A:N1	2.33	0.44
2:2:208:U:H5'	12:I:172:SER:HA	2.00	0.44
8:E:23:LEU:HD21	13:J:6:ARG:HD2	2.00	0.44
9:F:55:VAL:HG23	9:F:140:ILE:HD11	2.00	0.44
15:L:38:VAL:HG11	15:L:59:PRO:HB2	1.99	0.44
23:T:14:PHE:HA	23:T:139:THR:HG21	1.99	0.44
40:k:295:ASN:HA	40:k:298:ILE:HD12	1.98	0.44
2:2:39:A:H5'	13:J:6:ARG:HG3	2.00	0.44
2:2:107:C:H2'	2:2:108:A:C8	2.53	0.44
2:2:1506:U:H2'	2:2:1507:C:C6	2.52	0.44
16:M:21:LEU:O	16:M:24:VAL:HG22	2.18	0.44
26:W:7:LEU:HD23	26:W:34:ILE:HA	1.99	0.44
36:g:225:GLY:HA2	36:g:247:VAL:HG23	1.99	0.44
2:2:477:A:HO2'	13:J:124:HIS:HD1	1.59	0.43
2:2:606:G:H5'	2:2:612:G:N2	2.33	0.43
2:2:771:A:H5'	13:J:7:THR:HB	2.00	0.43
2:2:1626:U:H2'	2:2:1627:G:C8	2.53	0.43
4:A:63:ILE:CD1	4:A:158:VAL:HG21	2.48	0.43
13:J:63:ASP:O	13:J:66:ASP:HB2	2.18	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
13:J:119:ALA:O	13:J:120:LYS:HB2	2.18	0.43
15:L:21:THR:HG22	15:L:32:LYS:H	1.83	0.43
17:N:136:PRO:HG2	17:N:139:TRP:HB2	1.99	0.43
20:Q:22:VAL:HG12	20:Q:65:ILE:HG23	1.99	0.43
44:p:515:ALA:HA	44:p:572:ARG:HH22	1.82	0.43
2:2:122:U:C2	2:2:294:A:C2	3.06	0.43
2:2:331:U:O4	12:I:173:ARG:NH2	2.51	0.43
2:2:601:U:H2'	2:2:602:U:C6	2.52	0.43
2:2:709:C:H2'	2:2:710:U:H4'	1.99	0.43
6:C:61:ILE:HG23	6:C:66:LEU:HB2	2.00	0.43
7:D:72:LEU:HD22	14:K:65:TYR:HD1	1.83	0.43
22:S:122:HIS:HA	22:S:125:ILE:HD12	1.99	0.43
2:2:119:A:H1'	2:2:396:A:C8	2.54	0.43
2:2:1219:C:H42	2:2:1262:G:H1	1.65	0.43
2:2:1581:A:N6	2:2:1610:U:H5	2.16	0.43
5:B:43:VAL:HG13	5:B:68:VAL:HG11	2.00	0.43
11:H:63:PRO:HG2	11:H:66:SER:HB3	2.00	0.43
14:K:21:LEU:HD13	14:K:46:LEU:HD11	2.00	0.43
38:i:77:ILE:HG12	38:i:91:VAL:HG13	2.00	0.43
44:p:388:VAL:HG22	44:p:447:ALA:HB1	2.00	0.43
2:2:1240:G:H4'	19:P:78:THR:HA	1.99	0.43
2:2:1769:U:H3	2:2:1788:A:H2	1.61	0.43
12:I:148:ALA:C	12:I:150:GLU:H	2.27	0.43
2:2:787:A:H2'	8:E:19:MET:HE2	1.99	0.43
7:D:8:LYS:HB2	24:U:63:LEU:HD11	2.00	0.43
7:D:172:THR:HA	7:D:184:ILE:O	2.18	0.43
17:N:45:LEU:HD23	17:N:49:GLN:HB3	2.01	0.43
17:N:132:VAL:HG13	17:N:134:VAL:HG23	1.99	0.43
21:R:31:ASN:HA	21:R:34:LEU:HD12	2.00	0.43
39:j:9:TYR:HB3	39:j:10:GLU:H	1.71	0.43
44:p:141:ILE:HG12	44:p:157:LEU:HB3	2.00	0.43
2:2:382:G:H8	2:2:382:G:H5''	1.83	0.43
2:2:861:A:C2	2:2:962:A:C4	3.07	0.43
5:B:107:THR:O	5:B:111:ARG:HG3	2.17	0.43
44:p:349:ALA:HB1	44:p:356:LEU:HD11	2.00	0.43
2:2:94:U:H2'	2:2:95:G:O4'	2.19	0.43
2:2:100:A:H61	2:2:384:A:H1'	1.83	0.43
2:2:442:C:O2'	2:2:444:A:C2	2.68	0.43
2:2:819:U:H2'	2:2:820:U:H4'	2.00	0.43
2:2:938:A:H2'	2:2:939:A:C8	2.53	0.43
2:2:1083:A:H2'	2:2:1084:G:O4'	2.19	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:1099:G:N3	2:2:1099:G:H2'	2.33	0.43
8:E:86:PHE:CZ	8:E:87:MET:HE2	2.54	0.43
36:g:24:LEU:HD23	36:g:36:SER:HB3	2.01	0.43
38:i:121:PHE:HZ	42:m:25:VAL:HG13	1.84	0.43
47:s:25:LEU:HD22	47:s:319:LEU:HD13	2.00	0.43
2:2:1544:G:OP1	22:S:123:ARG:HD3	2.19	0.43
3:3:16[A]:U:O2	43:o:78:LEU:HD21	2.11	0.43
13:J:85:VAL:HG12	13:J:99:LEU:HD22	2.01	0.43
17:N:84:ILE:HD11	17:N:149:LEU:HD22	2.01	0.43
2:2:151:U:H3	2:2:161:A:H61	1.67	0.43
2:2:894:G:H1	2:2:916:U:H3	1.65	0.43
2:2:1727:C:H2'	2:2:1728:A:O4'	2.18	0.43
2:2:1794:C:C2	30:a:5:ARG:HG2	2.54	0.43
4:A:93:THR:HG22	4:A:94:GLY:H	1.83	0.43
5:B:113:MET:HE2	5:B:113:MET:HB3	1.92	0.43
11:H:140:VAL:HB	26:W:52:TYR:HB3	2.01	0.43
17:N:81:ALA:HA	17:N:82:PRO:HD3	1.89	0.43
26:W:20:THR:HB	26:W:22:LYS:HG2	2.01	0.43
40:k:274:ILE:H	40:k:274:ILE:HG13	1.72	0.43
40:k:307:ARG:HH11	40:k:393:GLY:HA2	1.83	0.43
2:2:864:A:C2	2:2:964:U:H5	2.35	0.43
2:2:885:U:H2'	2:2:886:A:O4'	2.18	0.43
2:2:1197:G:OP1	2:2:1198:G:H1'	2.19	0.43
5:B:213:ARG:CG	5:B:214:LYS:H	2.30	0.43
6:C:144:ILE:HG22	6:C:223:ILE:CG2	2.49	0.43
29:Z:99:ALA:HB1	29:Z:101:TYR:HE2	1.84	0.43
45:q:500:LYS:HA	45:q:503:ILE:HD12	1.99	0.43
2:2:449:U:H5''	8:E:7:LYS:HD2	2.01	0.42
2:2:925:A:H1'	2:2:987:A:C2	2.54	0.42
2:2:1043:U:H2'	2:2:1044:C:C6	2.53	0.42
2:2:1203:A:H61	33:d:15:GLY:HA3	1.83	0.42
6:C:193:MET:HE3	6:C:198:VAL:HG21	2.01	0.42
10:G:2:LYS:HG3	10:G:17:GLU:HG3	2.00	0.42
14:K:82:LEU:HD12	14:K:86:ILE:HG21	2.00	0.42
15:L:84:ILE:HB	15:L:111:VAL:CG2	2.49	0.42
42:m:5:ILE:HD13	42:m:5:ILE:H	1.84	0.42
45:q:459:ILE:HA	45:q:460:PRO:HD3	1.90	0.42
2:2:877:G:H2'	2:2:878:G:H8	1.84	0.42
2:2:1338:C:OP1	20:Q:10:PHE:HZ	2.02	0.42
2:2:1735:G:H2'	2:2:1736:U:O4'	2.18	0.42
12:I:103:GLN:HB3	12:I:165:ARG:HB3	2.01	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
23:T:18:TYR:CD1	23:T:135:ILE:HG13	2.54	0.42
33:d:41:GLN:H	33:d:41:GLN:HE21	1.66	0.42
40:k:375:SER:HB2	40:k:400:THR:HB	2.00	0.42
44:p:79:ILE:HG12	44:p:129:VAL:HB	2.00	0.42
2:2:1417:G:H2'	2:2:1418:C:O4'	2.18	0.42
2:2:1637:5MC:H2'	2:2:1638:C:O4'	2.19	0.42
2:2:1771:C:H2'	2:2:1772:G:H8	1.84	0.42
3:3:34:U:H2'	3:3:35:C:O4'	2.19	0.42
6:C:140:SER:O	6:C:141:VAL:C	2.62	0.42
6:C:174:LEU:HD13	6:C:193:MET:HE1	2.01	0.42
8:E:160:VAL:HG11	8:E:169:ILE:HG12	2.02	0.42
36:g:43:LEU:HB2	36:g:62:TYR:HB2	2.00	0.42
43:o:368:GLN:HA	43:o:371:ILE:HD12	2.01	0.42
44:p:368:LEU:HD13	44:p:373:LEU:HD13	2.02	0.42
45:q:738:VAL:HG12	45:q:774:THR:HB	2.01	0.42
47:s:56:TRP:HE1	47:s:72:ALA:HB2	1.85	0.42
2:2:1257:U:O2	2:2:1257:U:O4'	2.34	0.42
4:A:74:VAL:HG22	4:A:96:THR:HB	2.01	0.42
9:F:138:ALA:HB1	9:F:203:ALA:HB3	2.02	0.42
17:N:25:TRP:HB2	31:b:82:LYS:HD2	2.01	0.42
19:P:17:TYR:HB2	19:P:25:LEU:HD11	2.01	0.42
21:R:93:LEU:O	21:R:98:ASP:HA	2.18	0.42
36:g:208:VAL:HG11	36:g:249:ALA:HA	2.00	0.42
40:k:432:ILE:HG12	40:k:515:ALA:HB1	2.02	0.42
44:p:292:ILE:HD12	44:p:310:HIS:HB2	2.01	0.42
44:p:388:VAL:HG21	44:p:402:LEU:HD12	2.02	0.42
2:2:46:A:N6	2:2:432:C:H4'	2.35	0.42
2:2:87:C:O2'	2:2:168:A:N1	2.49	0.42
2:2:391:G:H2'	2:2:392:C:O4'	2.20	0.42
2:2:811:A:N6	2:2:857:G:H2'	2.35	0.42
2:2:1064:A:H2'	2:2:1065:C:O4'	2.19	0.42
2:2:1185:U:H2'	2:2:1186:U:O4'	2.19	0.42
2:2:1608:G:C5'	9:F:109:LYS:HB2	2.49	0.42
11:H:26:ASP:HB3	11:H:84:LYS:HZ1	1.83	0.42
20:Q:9:THR:HG21	20:Q:88:GLY:HA2	2.00	0.42
21:R:117:LEU:HA	21:R:118:PRO:HD3	1.90	0.42
36:g:32:ASN:HA	36:g:48:LEU:HB2	2.02	0.42
2:2:621:A:H4'	2:2:622:A:OP1	2.19	0.42
2:2:1101:G:H2'	2:2:1102:U:O4'	2.20	0.42
2:2:1113:G:O2'	2:2:1129:G:O6	2.38	0.42
2:2:1180:U:H2'	2:2:1181:U:O4'	2.19	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:1447:U:H2'	2:2:1448:U:O4'	2.20	0.42
2:2:1781:C:H2'	2:2:1782:C:C6	2.54	0.42
3:3:16[A]:U:H2'	3:3:17[A]:C:C6	2.54	0.42
5:B:186:SER:O	5:B:190:PRO:HD2	2.20	0.42
12:I:104:ILE:HD13	12:I:168:ALA:HB3	2.00	0.42
14:K:77:ARG:HD3	14:K:84:GLU:HA	2.01	0.42
18:O:20:PHE:CD1	18:O:20:PHE:C	2.97	0.42
24:U:67:THR:HG23	33:d:40:ARG:HB2	2.01	0.42
36:g:21:VAL:HG11	36:g:317:ILE:HG12	2.01	0.42
39:j:71:ALA:HB1	39:j:85:LEU:HD21	2.02	0.42
41:l:230:ILE:HA	41:l:234:VAL:HB	2.01	0.42
45:q:626:LEU:HD12	45:q:652:ILE:HG21	2.02	0.42
2:2:10:G:C6	2:2:11:A:C5	3.08	0.42
2:2:481:U:H3	2:2:504:A:H61	1.66	0.42
2:2:1086:A:C2	2:2:1087:A:C5	3.08	0.42
2:2:1165:A:H2'	2:2:1166:G:O4'	2.20	0.42
4:A:64:ILE:HG23	4:A:73:VAL:HG21	2.01	0.42
9:F:166:PRO:HG2	32:c:52:ASP:HB3	2.02	0.42
29:Z:43:ASP:HB3	29:Z:46:LYS:HB2	2.01	0.42
29:Z:55:PRO:HB2	29:Z:56:THR:H	1.67	0.42
36:g:8:LEU:HD13	36:g:281:LEU:HD11	2.02	0.42
43:o:86:LEU:HD13	43:o:174:LEU:HD22	2.01	0.42
47:s:245:ILE:HG23	47:s:280:LYS:HD2	2.00	0.42
2:2:512:U:H2'	2:2:513:G:C8	2.55	0.42
2:2:608:U:H4'	2:2:609:G:O5'	2.19	0.42
8:E:183:VAL:HG21	8:E:218:PHE:HE1	1.83	0.42
11:H:60:VAL:HG22	11:H:92:PHE:HA	2.00	0.42
12:I:185:LEU:HD22	12:I:189:GLU:HG2	2.01	0.42
20:Q:77:GLN:O	20:Q:81:ILE:HG13	2.19	0.42
2:2:969:A:H2'	2:2:970:A:H5'	2.02	0.42
2:2:1087:A:N6	2:2:1092:A:C2	2.88	0.42
8:E:139:VAL:HG13	8:E:147:ILE:HB	2.01	0.42
30:a:4:LYS:HD3	30:a:5:ARG:NH2	2.35	0.42
30:a:12:LYS:HB3	30:a:13:LYS:H	1.74	0.42
47:s:50:GLY:HA3	47:s:79:TRP:HH2	1.84	0.42
2:2:216:A:H2'	2:2:217:A:C8	2.55	0.42
2:2:385:G:P	12:I:25:ARG:HH22	2.43	0.42
2:2:525:A:H2'	2:2:526:A:O4'	2.20	0.42
2:2:1475:G:H1'	23:T:48:GLN:HB2	2.02	0.42
10:G:137:ARG:HG3	10:G:177:ARG:HG3	2.00	0.42
18:O:81:ILE:HG21	18:O:102:LEU:HD12	2.01	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
20:Q:47:LYS:HD3	20:Q:82:ARG:HH12	1.85	0.42
36:g:267:ILE:HB	36:g:281:LEU:HB2	2.02	0.42
2:2:591:G:OP1	13:J:39:LYS:HG3	2.20	0.41
4:A:136:SER:HA	4:A:141:ILE:HD12	2.01	0.41
5:B:70:LEU:HB3	5:B:79:HIS:HB3	2.01	0.41
5:B:186:SER:O	5:B:190:PRO:CD	2.68	0.41
12:I:84:HIS:CE1	12:I:86:SER:HB2	2.54	0.41
18:O:131:GLY:O	30:a:22:ARG:NH2	2.53	0.41
20:Q:45:ARG:O	20:Q:48:VAL:HG22	2.20	0.41
32:c:42:ARG:HH12	32:c:61:ARG:HB3	1.84	0.41
36:g:90:LEU:HB2	36:g:104:PHE:HB2	2.02	0.41
36:g:154:LYS:HG3	36:g:208:VAL:HA	2.01	0.41
2:2:597:U:H5	2:2:598:A:C4	2.38	0.41
2:2:1046:G:H2'	2:2:1047:G:O4'	2.19	0.41
2:2:1214:C:H4'	33:d:2:ALA:HB3	2.02	0.41
2:2:1228:G:H1'	2:2:1254:G:H22	1.85	0.41
2:2:1290:G:H1	2:2:1323:G:H22	1.69	0.41
8:E:126:VAL:HG22	8:E:139:VAL:CG2	2.49	0.41
11:H:162:ILE:HG12	11:H:169:PHE:HE2	1.86	0.41
13:J:129:ILE:HG13	13:J:134:ILE:HD13	2.02	0.41
2:2:47:A:N1	2:2:385:G:H1'	2.35	0.41
2:2:166:U:H5''	10:G:135:PRO:HA	2.02	0.41
2:2:296:U:H5''	8:E:37:LYS:HG2	2.01	0.41
2:2:335:G:H5'	15:L:130:PRO:O	2.20	0.41
2:2:357:U:C2'	2:2:359:A:H5''	2.50	0.41
2:2:621:A:O2'	2:2:1031:G:H5'	2.21	0.41
2:2:1171:G:N2	23:T:88:VAL:HG22	2.35	0.41
3:3:16[A]:U:H1'	43:o:38:ARG:HD2	2.02	0.41
3:3:17[A]:C:O2	43:o:38:ARG:HB2	2.20	0.41
5:B:140:ILE:HD11	5:B:213:ARG:HB3	2.02	0.41
6:C:179:ARG:O	13:J:97:LEU:HB3	2.20	0.41
8:E:49:ARG:HH11	8:E:50:ASN:HD21	1.68	0.41
12:I:38:ILE:HA	12:I:60:ILE:O	2.20	0.41
12:I:98:LYS:C	12:I:100:ALA:H	2.28	0.41
23:T:34:VAL:O	23:T:35:ASP:HB2	2.19	0.41
38:i:40:LYS:HA	38:i:73:GLN:HG3	2.01	0.41
40:k:356:ARG:HE	40:k:424:PRO:HD2	1.85	0.41
2:2:93:A:H2'	2:2:397:G:N2	2.35	0.41
2:2:176:U:H3'	2:2:177:U:H2'	2.03	0.41
2:2:799:U:H2'	2:2:800:G:H8	1.84	0.41
2:2:922:A:C6	2:2:923:A:N6	2.89	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:1639:C:H4'	37:h:1:MET:H1	1.84	0.41
11:H:170:GLN:HG2	11:H:181:ILE:HG22	2.02	0.41
12:I:96:LEU:HD11	12:I:180:CYS:SG	2.60	0.41
14:K:23:ALA:HB1	14:K:39:ASN:HD21	1.84	0.41
23:T:65:ILE:HG21	23:T:114:VAL:HG22	2.01	0.41
39:j:220:VAL:HG13	39:j:230:LEU:HB3	2.01	0.41
2:2:1682:U:H2'	2:2:1683:G:C8	2.56	0.41
9:F:105:ASN:HA	9:F:108:LYS:HD2	2.02	0.41
2:2:121:U:O2'	8:E:34:GLY:HA2	2.20	0.41
2:2:501:U:H2'	2:2:502:G:C8	2.55	0.41
2:2:1095:C:H4'	2:2:1098:U:H4'	2.03	0.41
2:2:1246:U:H5'	35:f:93:HIS:HB2	2.02	0.41
4:A:75:ALA:HB1	4:A:86:VAL:HG22	2.03	0.41
9:F:93:GLU:O	9:F:96:THR:OG1	2.33	0.41
9:F:147:ASP:HB2	9:F:164:VAL:HG22	2.03	0.41
13:J:120:LYS:HG3	44:p:434:VAL:HB	2.02	0.41
23:T:124:ILE:H	23:T:124:ILE:HG13	1.52	0.41
36:g:209:VAL:HG12	36:g:220:SER:HB3	2.03	0.41
39:j:33:TYR:HA	39:j:45:MET:HA	2.02	0.41
43:o:839:ALA:HB1	44:p:198:VAL:HG11	2.02	0.41
2:2:567:G:N7	27:X:69:ARG:NH2	2.64	0.41
2:2:760:A:H2'	2:2:761:G:O4'	2.21	0.41
2:2:941:G:O6	30:a:15:ARG:O	2.38	0.41
2:2:1173:C:H2'	2:2:1174:U:O4'	2.20	0.41
2:2:1769:U:N3	2:2:1788:A:C2	2.81	0.41
5:B:131:ASP:HB2	5:B:132:ASP:H	1.67	0.41
17:N:20:ARG:HH12	26:W:56:HIS:CG	2.39	0.41
40:k:428:THR:HA	40:k:487:LEU:HD12	2.02	0.41
2:2:329:G:H2'	2:2:330:A:O4'	2.21	0.41
2:2:1038:A:N6	2:2:1090:A:C8	2.89	0.41
2:2:1149:G:H5''	2:2:1150:A:O5'	2.21	0.41
2:2:1597:C:H5''	2:2:1597:C:H6	1.86	0.41
4:A:24:LEU:HG	4:A:45:VAL:HG11	2.02	0.41
4:A:96:THR:HG21	4:A:116:LYS:HE2	2.02	0.41
11:H:46:ILE:HG12	11:H:60:VAL:HB	2.03	0.41
13:J:59:LEU:HD22	13:J:69:ARG:HA	2.03	0.41
13:J:105:LEU:O	13:J:108:ARG:HB2	2.21	0.41
21:R:29:GLN:HG2	36:g:68:ILE:HD11	2.03	0.41
23:T:113:VAL:HG12	23:T:128:GLY:HA2	2.03	0.41
27:X:51:GLY:HA3	27:X:74:VAL:CG1	2.51	0.41
31:b:20:LYS:O	31:b:21:LEU:HB2	2.21	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
36:g:134:VAL:HB	36:g:143:TYR:HB2	2.02	0.41
45:q:496:ILE:HG22	45:q:500:LYS:HE3	2.03	0.41
2:2:13:C:H6	2:2:13:C:OP2	2.03	0.41
2:2:614:A:O2'	2:2:620:A:N1	2.49	0.41
2:2:981:U:H5''	2:2:981:U:H6	1.85	0.41
2:2:1331:C:H4'	7:D:203:PRO:HB3	2.02	0.41
2:2:1523:A:N3	2:2:1587:C:O2'	2.51	0.41
2:2:1629:A:OP1	2:2:1629:A:H8	2.04	0.41
2:2:1682:U:H2'	2:2:1683:G:H8	1.85	0.41
2:2:1772:G:H2'	2:2:1773:U:O4'	2.20	0.41
4:A:101:ARG:HH12	4:A:104:PRO:HD3	1.86	0.41
4:A:177:LEU:O	4:A:181:VAL:HG23	2.20	0.41
9:F:119:THR:HG21	9:F:196:LEU:HD13	2.03	0.41
9:F:128:ASP:H	29:Z:58:ARG:HH12	1.69	0.41
10:G:32:ILE:HD11	10:G:63:MET:HB3	2.03	0.41
12:I:84:HIS:HD2	12:I:100:ALA:HB2	1.85	0.41
18:O:20:PHE:C	18:O:20:PHE:HD1	2.29	0.41
20:Q:10:PHE:HA	20:Q:18:ALA:O	2.20	0.41
20:Q:41:PRO:HG3	20:Q:74:HIS:HB3	2.03	0.41
25:V:20:THR:C	25:V:22:ARG:H	2.29	0.41
28:Y:7:ILE:HD12	28:Y:40:LEU:HD23	2.02	0.41
36:g:14:LEU:HB2	36:g:317:ILE:HB	2.03	0.41
42:m:34:THR:HG21	42:m:80:HIS:H	1.85	0.41
2:2:38:C:H2'	2:2:39:A:O4'	2.21	0.41
2:2:531:U:OP1	13:J:132:ARG:NH1	2.54	0.41
2:2:789:U:O4	2:2:790:A:C6	2.74	0.41
2:2:1142:A:C6	2:2:1143:U:C5	3.08	0.41
6:C:45:LYS:HB2	6:C:245:MET:HE2	2.03	0.41
11:H:85:PHE:HB3	11:H:88:ARG:HD2	2.02	0.41
12:I:83:TYR:HD2	12:I:101:ILE:HD13	1.86	0.41
27:X:41:SER:HA	27:X:42:PRO:HD3	1.83	0.41
28:Y:55:VAL:HG22	28:Y:75:VAL:HG22	2.02	0.41
41:l:184:LEU:HD22	41:l:234:VAL:HG11	2.03	0.41
43:o:16:ASP:HA	43:o:19:ILE:HD12	2.02	0.41
44:p:736:GLN:HA	44:p:737:PRO:HD3	1.93	0.41
2:2:119:A:H2'	2:2:120:PSU:O4'	2.21	0.40
2:2:682:U:H2'	2:2:683:C:O4'	2.20	0.40
2:2:876:G:H4'	2:2:941:G:N2	2.36	0.40
2:2:1517:U:H2'	2:2:1518:U:C5	2.57	0.40
2:2:1788:A:C2	2:2:1789:A:N1	2.89	0.40
7:D:220:PRO:HB2	7:D:221:SER:H	1.70	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
14:K:83:PRO:HB2	14:K:85:HIS:CD2	2.56	0.40
30:a:31:PRO:HG2	30:a:34:LYS:HD2	2.02	0.40
36:g:128:ARG:C	36:g:130:LYS:H	2.29	0.40
45:q:753:VAL:HG13	45:q:769:LEU:HD21	2.02	0.40
2:2:13:C:O2'	2:2:1297:U:N3	2.46	0.40
2:2:472:A:H5'	2:2:769:A:H1'	2.02	0.40
2:2:855:A:C6	11:H:96:ARG:HG2	2.56	0.40
2:2:1730:A:H2'	2:2:1731:C:C6	2.56	0.40
6:C:174:LEU:HD22	6:C:193:MET:HE2	2.04	0.40
9:F:84:PHE:CE2	32:c:49:ARG:HB3	2.55	0.40
11:H:38:LEU:HD11	11:H:77:LEU:HD13	2.02	0.40
27:X:79:ASN:N	27:X:79:ASN:HD22	2.19	0.40
40:k:403:ASP:HA	40:k:404:PRO:HD3	1.97	0.40
2:2:40:A:N6	2:2:466:G:H1'	2.36	0.40
2:2:88:U:H4'	2:2:170:A:O4'	2.21	0.40
2:2:1158:C:N4	2:2:1284:U:H5'	2.36	0.40
4:A:122:ILE:HA	4:A:144:ILE:O	2.22	0.40
10:G:48:TYR:CD1	10:G:113:ILE:HD11	2.57	0.40
12:I:29:LEU:HD12	12:I:29:LEU:C	2.46	0.40
29:Z:74:SER:HA	29:Z:77:ARG:NH1	2.36	0.40
35:f:91:ILE:H	35:f:91:ILE:HG13	1.73	0.40
40:k:282:PRO:HG2	41:l:135:LEU:HA	2.02	0.40
2:2:113:U:O2	2:2:116:U:N3	2.54	0.40
2:2:244:U:O2'	2:2:246:A:N7	2.49	0.40
2:2:457:G:H5''	2:2:457:G:H8	1.87	0.40
2:2:859:U:C1'	11:H:114:ARG:HD2	2.52	0.40
2:2:925:A:H2'	2:2:926:C:C6	2.56	0.40
2:2:1458:A:H5''	19:P:128:HIS:CD2	2.56	0.40
16:M:121:THR:O	16:M:124:ARG:HG2	2.21	0.40
43:o:59:GLY:HA3	43:o:68:LEU:HD21	2.02	0.40
45:q:430:THR:HG21	45:q:493:GLN:HG3	2.02	0.40
2:2:399:A:C2	12:I:26:LYS:HG3	2.57	0.40
2:2:555:A:H5'	34:e:56:MET:HE3	2.03	0.40
2:2:996:G:H1	2:2:1006:5MC:N4	2.20	0.40
2:2:1114:U:H2'	2:2:1115:A:H8	1.87	0.40
2:2:1293:G:H21	2:2:1320:A:H8	1.69	0.40
3:3:24:U:H5	32:c:67:ARG:HB2	1.85	0.40
23:T:15:ILE:HG13	23:T:63:ARG:HD3	2.04	0.40
23:T:127:ASN:HA	23:T:130:ARG:HH11	1.87	0.40
44:p:339:VAL:HG22	44:p:350:ARG:HG3	2.04	0.40
44:p:489:VAL:HG22	44:p:505:SER:HB3	2.04	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
45:q:401:GLU:HA	45:q:404:ILE:HD12	2.03	0.40

There are no symmetry-related clashes.

5.3 Torsion angles [i](#)

5.3.1 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 EM 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	
4	A	217/254 (85%)	196 (90%)	14 (6%)	7 (3%)	3	24
5	B	220/255 (86%)	189 (86%)	22 (10%)	9 (4%)	2	19
6	C	218/259 (84%)	194 (89%)	18 (8%)	6 (3%)	4	26
7	D	225/237 (95%)	214 (95%)	6 (3%)	5 (2%)	5	30
8	E	258/261 (99%)	227 (88%)	26 (10%)	5 (2%)	6	33
9	F	204/227 (90%)	175 (86%)	21 (10%)	8 (4%)	2	20
10	G	228/236 (97%)	215 (94%)	11 (5%)	2 (1%)	14	47
11	H	182/190 (96%)	162 (89%)	15 (8%)	5 (3%)	4	27
12	I	184/201 (92%)	164 (89%)	9 (5%)	11 (6%)	1	12
13	J	180/188 (96%)	152 (84%)	21 (12%)	7 (4%)	2	20
14	K	94/106 (89%)	84 (89%)	7 (7%)	3 (3%)	3	24
15	L	153/156 (98%)	135 (88%)	14 (9%)	4 (3%)	4	27
16	M	113/134 (84%)	84 (74%)	22 (20%)	7 (6%)	1	12
17	N	149/151 (99%)	138 (93%)	10 (7%)	1 (1%)	18	51
18	O	127/137 (93%)	105 (83%)	15 (12%)	7 (6%)	1	13
19	P	115/142 (81%)	98 (85%)	11 (10%)	6 (5%)	1	14
20	Q	139/143 (97%)	124 (89%)	11 (8%)	4 (3%)	3	26
21	R	128/136 (94%)	104 (81%)	14 (11%)	10 (8%)	1	8
22	S	143/146 (98%)	126 (88%)	14 (10%)	3 (2%)	5	31

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
23	T	141/144 (98%)	133 (94%)	7 (5%)	1 (1%)	18	51
24	U	104/117 (89%)	92 (88%)	8 (8%)	4 (4%)	2	20
25	V	85/87 (98%)	79 (93%)	4 (5%)	2 (2%)	4	29
26	W	127/130 (98%)	117 (92%)	5 (4%)	5 (4%)	2	20
27	X	142/145 (98%)	127 (89%)	10 (7%)	5 (4%)	3	23
28	Y	132/135 (98%)	125 (95%)	5 (4%)	2 (2%)	8	37
29	Z	76/108 (70%)	63 (83%)	8 (10%)	5 (7%)	1	11
30	a	101/119 (85%)	84 (83%)	13 (13%)	4 (4%)	2	19
31	b	79/82 (96%)	70 (89%)	6 (8%)	3 (4%)	2	20
32	c	62/67 (92%)	57 (92%)	2 (3%)	3 (5%)	2	16
33	d	53/56 (95%)	48 (91%)	4 (8%)	1 (2%)	6	33
34	e	58/63 (92%)	44 (76%)	11 (19%)	3 (5%)	1	14
35	f	72/150 (48%)	58 (81%)	11 (15%)	3 (4%)	2	19
36	g	314/326 (96%)	279 (89%)	28 (9%)	7 (2%)	5	30
37	h	23/25 (92%)	23 (100%)	0	0	100	100
38	i	119/153 (78%)	105 (88%)	8 (7%)	6 (5%)	1	15
39	j	243/304 (80%)	212 (87%)	27 (11%)	4 (2%)	7	36
40	k	404/527 (77%)	355 (88%)	41 (10%)	8 (2%)	6	32
41	l	120/285 (42%)	109 (91%)	10 (8%)	1 (1%)	16	49
42	m	145/405 (36%)	131 (90%)	13 (9%)	1 (1%)	18	51
43	o	519/964 (54%)	490 (94%)	23 (4%)	6 (1%)	10	41
44	p	637/763 (84%)	586 (92%)	44 (7%)	7 (1%)	11	43
45	q	538/812 (66%)	498 (93%)	32 (6%)	8 (2%)	8	37
46	r	47/274 (17%)	45 (96%)	2 (4%)	0	100	100
47	s	326/347 (94%)	304 (93%)	19 (6%)	3 (1%)	14	47
All	All	7944/10147 (78%)	7120 (90%)	622 (8%)	202 (2%)	6	28

All (202) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
6	C	141	VAL
9	F	104	ARG
10	G	122	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
11	H	64	VAL
11	H	74	GLN
12	I	22	ARG
12	I	40	THR
12	I	153	ILE
16	M	82	VAL
16	M	84	ASP
18	O	114	ARG
18	O	124	ASP
19	P	36	LEU
24	U	17	VAL
24	U	96	PRO
25	V	30	SER
26	W	58	SER
26	W	78	ARG
38	i	31	GLU
38	i	66	ARG
40	k	130	ASP
44	p	160	MET
44	p	337	PRO
44	p	392	PRO
45	q	460	PRO
4	A	206	ASN
5	B	19	ARG
7	D	220	PRO
9	F	44	LEU
9	F	103	GLY
11	H	163	ASP
12	I	99	ALA
12	I	147	ARG
13	J	169	PRO
15	L	3	THR
16	M	50	GLY
18	O	91	SER
19	P	69	GLU
21	R	99	VAL
21	R	116	LYS
26	W	29	PRO
27	X	3	LYS
29	Z	55	PRO
29	Z	56	THR
31	b	75	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
34	e	47	VAL
34	e	54	ARG
36	g	195	ILE
38	i	4	LYS
38	i	23	LYS
38	i	116	ASN
38	i	118	THR
39	j	64	ARG
40	k	95	ILE
45	q	468	THR
4	A	26	ALA
4	A	207	PRO
5	B	131	ASP
9	F	37	GLN
10	G	152	ASP
11	H	14	THR
12	I	58	LEU
12	I	94	ASN
12	I	120	SER
12	I	148	ALA
13	J	118	LEU
13	J	146	PHE
13	J	171	ARG
14	K	64	TYR
15	L	55	ASP
16	M	98	ASP
16	M	110	SER
17	N	3	ARG
18	O	51	ASP
20	Q	97	VAL
20	Q	138	PHE
21	R	5	ARG
21	R	129	ASP
22	S	85	PHE
25	V	12	TYR
27	X	41	SER
27	X	90	ASP
28	Y	4	ALA
29	Z	33	LYS
30	a	13	LYS
30	a	59	TYR
30	a	100	ARG

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
31	b	21	LEU
34	e	11	ALA
35	f	111	GLU
36	g	4	SER
36	g	64	GLY
36	g	244	LYS
39	j	137	LYS
40	k	94	ILE
40	k	127	ARG
40	k	497	GLU
40	k	507	LYS
43	o	49	GLU
44	p	529	LYS
45	q	650	LYS
47	s	165	GLY
4	A	158	VAL
4	A	202	TYR
5	B	148	ASN
5	B	224	ASP
6	C	40	TRP
7	D	143	ARG
7	D	197	SER
8	E	77	ARG
8	E	245	LYS
9	F	127	THR
12	I	52	ASN
14	K	23	ALA
15	L	4	GLU
16	M	77	VAL
18	O	40	ALA
18	O	126	THR
19	P	89	MET
21	R	89	SER
21	R	90	ALA
22	S	91	ASP
29	Z	69	PHE
39	j	195	TYR
40	k	129	LYS
42	m	12	PRO
43	o	251	GLU
43	o	392	GLU
43	o	394	ASN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
44	p	77	GLN
45	q	514	LYS
45	q	536	ASP
45	q	645	ILE
47	s	248	LEU
4	A	103	THR
4	A	195	TRP
5	B	207	LEU
6	C	151	THR
6	C	253	THR
8	E	195	ILE
8	E	204	GLY
11	H	98	ILE
12	I	59	ARG
13	J	134	ILE
16	M	122	GLN
18	O	42	VAL
19	P	17	TYR
20	Q	113	ASP
21	R	88	VAL
21	R	91	LEU
21	R	92	ASP
21	R	117	LEU
22	S	92	VAL
23	T	28	LEU
24	U	77	LYS
24	U	89	ARG
27	X	4	GLY
27	X	63	GLN
28	Y	36	SER
30	a	64	LEU
31	b	62	VAL
32	c	6	PRO
33	d	37	ASN
36	g	120	SER
40	k	383	GLU
41	l	129	LEU
44	p	198	VAL
45	q	336	ILE
45	q	351	ILE
5	B	93	GLY
5	B	206	PRO

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
5	B	221	PRO
6	C	44	THR
6	C	155	GLN
8	E	205	PHE
9	F	102	ASN
13	J	100	LYS
19	P	87	PRO
26	W	72	CYS
29	Z	37	LYS
32	c	35	ASP
35	f	100	LEU
43	o	476	ASP
44	p	536	LYS
7	D	43	PRO
9	F	42	ILE
13	J	137	GLY
14	K	35	ILE
36	g	16	GLY
39	j	226	PRO
47	s	291	GLY
9	F	66	ILE
15	L	7	VAL
20	Q	40	GLN
36	g	201	GLY
5	B	114	VAL
19	P	37	ALA
26	W	77	PRO
32	c	47	PRO
35	f	88	PRO
43	o	455	PRO
7	D	219	GLU

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 PDB entries followed by that with respect to all EM entries.

The Analysed column shows the number of residues for which the sidechain conformation was analysed, and the total number of residues.

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
4	A	180/211 (85%)	149 (83%)	31 (17%)	2	12
5	B	201/228 (88%)	176 (88%)	25 (12%)	4	22
6	C	177/203 (87%)	148 (84%)	29 (16%)	2	14
7	D	188/196 (96%)	160 (85%)	28 (15%)	3	17
8	E	223/224 (100%)	187 (84%)	36 (16%)	2	14
9	F	174/194 (90%)	148 (85%)	26 (15%)	3	17
10	G	192/200 (96%)	174 (91%)	18 (9%)	8	31
11	H	164/170 (96%)	142 (87%)	22 (13%)	4	20
12	I	147/159 (92%)	129 (88%)	18 (12%)	5	22
13	J	153/158 (97%)	130 (85%)	23 (15%)	3	17
14	K	88/96 (92%)	79 (90%)	9 (10%)	7	28
15	L	136/137 (99%)	123 (90%)	13 (10%)	8	30
16	M	93/109 (85%)	83 (89%)	10 (11%)	6	26
17	N	128/128 (100%)	117 (91%)	11 (9%)	10	33
18	O	96/104 (92%)	84 (88%)	12 (12%)	4	22
19	P	99/119 (83%)	87 (88%)	12 (12%)	5	22
20	Q	117/119 (98%)	103 (88%)	14 (12%)	5	23
21	R	116/124 (94%)	108 (93%)	8 (7%)	14	39
22	S	127/129 (98%)	112 (88%)	15 (12%)	5	23
23	T	117/118 (99%)	97 (83%)	20 (17%)	2	12
24	U	96/107 (90%)	82 (85%)	14 (15%)	3	17
25	V	73/73 (100%)	69 (94%)	4 (6%)	19	46
26	W	110/111 (99%)	102 (93%)	8 (7%)	13	38
27	X	119/120 (99%)	107 (90%)	12 (10%)	7	28
28	Y	108/109 (99%)	99 (92%)	9 (8%)	10	34
29	Z	59/88 (67%)	52 (88%)	7 (12%)	5	23
30	a	85/100 (85%)	77 (91%)	8 (9%)	8	31
31	b	71/72 (99%)	66 (93%)	5 (7%)	14	39
32	c	55/59 (93%)	49 (89%)	6 (11%)	6	26
33	d	47/48 (98%)	41 (87%)	6 (13%)	4	21

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
34	e	51/55 (93%)	43 (84%)	8 (16%)	2	15
35	f	60/133 (45%)	55 (92%)	5 (8%)	10	34
36	g	264/272 (97%)	231 (88%)	33 (12%)	4	22
37	h	23/23 (100%)	20 (87%)	3 (13%)	4	21
38	i	100/130 (77%)	90 (90%)	10 (10%)	7	28
39	j	224/274 (82%)	203 (91%)	21 (9%)	8	31
40	k	332/449 (74%)	319 (96%)	13 (4%)	28	54
41	l	119/246 (48%)	113 (95%)	6 (5%)	22	48
42	m	125/352 (36%)	115 (92%)	10 (8%)	11	35
43	o	406/846 (48%)	396 (98%)	10 (2%)	42	63
44	p	544/693 (78%)	537 (99%)	7 (1%)	61	72
45	q	506/523 (97%)	491 (97%)	15 (3%)	36	60
46	r	40/232 (17%)	40 (100%)	0	100	100
47	s	287/301 (95%)	284 (99%)	3 (1%)	68	75
All	All	6820/8542 (80%)	6217 (91%)	603 (9%)	11	32

All (603) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
4	A	3	LEU
4	A	6	THR
4	A	10	THR
4	A	17	LEU
4	A	18	LEU
4	A	24	LEU
4	A	32	HIS
4	A	33	GLN
4	A	34	GLU
4	A	41	ARG
4	A	50	VAL
4	A	80	THR
4	A	86	VAL
4	A	87	LEU
4	A	93	THR
4	A	106	SER
4	A	108	THR
4	A	111	ILE

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
4	A	120	LEU
4	A	121	VAL
4	A	123	VAL
4	A	133	ILE
4	A	154	GLU
4	A	157	ASP
4	A	172	LEU
4	A	176	LEU
4	A	182	LEU
4	A	184	LEU
4	A	185	ARG
4	A	188	LEU
4	A	191	ARG
5	B	26	ARG
5	B	32	ILE
5	B	48	VAL
5	B	64	ARG
5	B	70	LEU
5	B	72	ASP
5	B	77	GLU
5	B	82	ARG
5	B	83	LYS
5	B	89	ASP
5	B	103	MET
5	B	105	PHE
5	B	107	THR
5	B	110	LEU
5	B	120	LEU
5	B	124	ASN
5	B	127	VAL
5	B	131	ASP
5	B	140	ILE
5	B	143	THR
5	B	146	GLN
5	B	153	THR
5	B	160	HIS
5	B	179	SER
5	B	181	LEU
6	C	50	VAL
6	C	58	ILE
6	C	68	VAL
6	C	70	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
6	C	72	GLN
6	C	83	ASP
6	C	91	VAL
6	C	94	GLN
6	C	95	THR
6	C	99	GLN
6	C	102	ARG
6	C	109	VAL
6	C	116	VAL
6	C	118	LEU
6	C	141	VAL
6	C	144	ILE
6	C	146	ARG
6	C	152	ASN
6	C	153	LEU
6	C	159	LEU
6	C	181	SER
6	C	191	LYS
6	C	198	VAL
6	C	206	THR
6	C	223	ILE
6	C	230	LEU
6	C	233	ASN
6	C	238	GLN
6	C	241	THR
7	D	11	LEU
7	D	12	VAL
7	D	47	GLU
7	D	66	ILE
7	D	69	LEU
7	D	71	LEU
7	D	75	LYS
7	D	76	ARG
7	D	81	ARG
7	D	83	THR
7	D	86	LEU
7	D	91	VAL
7	D	110	LEU
7	D	116	ARG
7	D	117	ARG
7	D	120	TYR
7	D	122	VAL

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
7	D	128	GLU
7	D	142	LEU
7	D	143	ARG
7	D	157	LEU
7	D	164	VAL
7	D	173	ARG
7	D	176	LEU
7	D	184	ILE
7	D	214	GLU
7	D	226	ARG
7	D	228	THR
8	E	9	LEU
8	E	18	TRP
8	E	20	LEU
8	E	21	ASP
8	E	23	LEU
8	E	38	LEU
8	E	39	ARG
8	E	49	ARG
8	E	51	ARG
8	E	57	ASN
8	E	73	ASP
8	E	77	ARG
8	E	80	THR
8	E	81	THR
8	E	93	GLU
8	E	100	ARG
8	E	108	ARG
8	E	111	VAL
8	E	114	ILE
8	E	123	LEU
8	E	155	LYS
8	E	163	ASP
8	E	166	THR
8	E	170	THR
8	E	173	ILE
8	E	181	VAL
8	E	198	ARG
8	E	200	ARG
8	E	206	ASP
8	E	208	VAL
8	E	220	THR

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
8	E	225	VAL
8	E	228	ILE
8	E	236	ILE
8	E	238	LEU
8	E	254	ARG
9	F	33	VAL
9	F	35	ILE
9	F	65	GLN
9	F	70	ILE
9	F	72	VAL
9	F	78	ARG
9	F	92	VAL
9	F	101	MET
9	F	110	LEU
9	F	116	VAL
9	F	121	GLU
9	F	137	ASP
9	F	145	ARG
9	F	158	ARG
9	F	160	GLN
9	F	163	ASP
9	F	168	ARG
9	F	169	ARG
9	F	183	GLU
9	F	187	ARG
9	F	189	ILE
9	F	192	ILE
9	F	196	LEU
9	F	199	GLU
9	F	213	ILE
9	F	219	LEU
10	G	15	CYS
10	G	26	VAL
10	G	52	ILE
10	G	56	ASN
10	G	67	VAL
10	G	76	LEU
10	G	108	VAL
10	G	125	THR
10	G	132	ARG
10	G	154	ARG
10	G	177	ARG

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
10	G	180	THR
10	G	184	LEU
10	G	199	GLN
10	G	202	ARG
10	G	203	GLU
10	G	222	GLU
10	G	226	VAL
11	H	15	GLU
11	H	19	GLN
11	H	38	LEU
11	H	39	ARG
11	H	51	VAL
11	H	60	VAL
11	H	80	GLU
11	H	81	LEU
11	H	86	GLN
11	H	88	ARG
11	H	93	LEU
11	H	107	ARG
11	H	110	GLN
11	H	116	ARG
11	H	126	LEU
11	H	127	GLU
11	H	128	ASP
11	H	139	ARG
11	H	152	ILE
11	H	164	ASN
11	H	174	ASN
11	H	176	LEU
12	I	20	GLN
12	I	22	ARG
12	I	23	LYS
12	I	24	LYS
12	I	25	ARG
12	I	29	LEU
12	I	35	ASN
12	I	43	ILE
12	I	46	VAL
12	I	58	LEU
12	I	72	VAL
12	I	92	ARG
12	I	96	LEU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
12	I	104	ILE
12	I	153	ILE
12	I	154	GLU
12	I	190	LEU
12	I	196	ARG
13	J	6	ARG
13	J	8	TYR
13	J	25	ASP
13	J	28	LEU
13	J	37	LYS
13	J	38	ASN
13	J	45	ILE
13	J	49	LEU
13	J	60	LEU
13	J	64	GLU
13	J	70	LEU
13	J	83	ILE
13	J	93	LEU
13	J	107	ARG
13	J	109	LEU
13	J	127	VAL
13	J	131	GLN
13	J	142	ASN
13	J	149	ARG
13	J	150	LEU
13	J	154	LYS
13	J	161	THR
13	J	183	GLU
14	K	15	LEU
14	K	21	LEU
14	K	34	GLU
14	K	35	ILE
14	K	39	ASN
14	K	40	LEU
14	K	49	LEU
14	K	76	LEU
14	K	86	ILE
15	L	10	GLU
15	L	19	ILE
15	L	36	LYS
15	L	56	LYS
15	L	67	ARG

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
15	L	84	ILE
15	L	111	VAL
15	L	117	VAL
15	L	125	VAL
15	L	127	GLN
15	L	131	ILE
15	L	134	THR
15	L	136	ARG
16	M	26	ARG
16	M	34	LEU
16	M	38	LEU
16	M	52	LEU
16	M	61	GLU
16	M	64	ILE
16	M	84	ASP
16	M	88	LEU
16	M	106	VAL
16	M	125	GLU
17	N	3	ARG
17	N	4	MET
17	N	9	LYS
17	N	16	ILE
17	N	88	LEU
17	N	100	LYS
17	N	102	LEU
17	N	107	LYS
17	N	115	LEU
17	N	116	ILE
17	N	121	ARG
18	O	20	PHE
18	O	37	GLU
18	O	65	GLN
18	O	72	LYS
18	O	76	ILE
18	O	83	ILE
18	O	86	THR
18	O	93	THR
18	O	112	ILE
18	O	114	ARG
18	O	124	ASP
18	O	126	THR
19	P	51	GLU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
19	P	56	LEU
19	P	58	LYS
19	P	60	LEU
19	P	72	LYS
19	P	83	MET
19	P	94	VAL
19	P	105	VAL
19	P	110	GLU
19	P	111	MET
19	P	126	VAL
19	P	127	ARG
20	Q	22	VAL
20	Q	26	LYS
20	Q	52	LEU
20	Q	69	VAL
20	Q	78	VAL
20	Q	82	ARG
20	Q	83	GLN
20	Q	87	LYS
20	Q	89	LEU
20	Q	107	LYS
20	Q	116	LEU
20	Q	123	ARG
20	Q	127	LYS
20	Q	137	ARG
21	R	4	VAL
21	R	9	VAL
21	R	29	GLN
21	R	46	LEU
21	R	55	THR
21	R	82	ASP
21	R	106	THR
21	R	109	LEU
22	S	15	LEU
22	S	40	ARG
22	S	41	ARG
22	S	61	LEU
22	S	73	MET
22	S	105	LEU
22	S	106	GLU
22	S	108	LYS
22	S	109	LEU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
22	S	111	ASP
22	S	114	GLU
22	S	117	LYS
22	S	123	ARG
22	S	133	VAL
22	S	136	GLN
23	T	16	ASN
23	T	17	ASN
23	T	23	GLN
23	T	48	GLN
23	T	65	ILE
23	T	78	LYS
23	T	79	LEU
23	T	86	ARG
23	T	88	VAL
23	T	110	LYS
23	T	111	LEU
23	T	116	ILE
23	T	124	ILE
23	T	126	ASP
23	T	129	LEU
23	T	132	LEU
23	T	133	ASP
23	T	140	LEU
23	T	142	ASP
23	T	143	GLU
24	U	17	VAL
24	U	22	ILE
24	U	27	THR
24	U	31	VAL
24	U	52	LYS
24	U	56	VAL
24	U	57	ARG
24	U	65	ILE
24	U	74	GLU
24	U	86	ILE
24	U	100	VAL
24	U	108	ILE
24	U	112	VAL
24	U	118	ILE
25	V	11	LEU
25	V	12	TYR

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
25	V	32	VAL
25	V	69	LEU
26	W	7	LEU
26	W	24	GLN
26	W	25	VAL
26	W	28	ARG
26	W	47	ILE
26	W	83	ILE
26	W	104	LEU
26	W	129	VAL
27	X	14	LYS
27	X	16	ARG
27	X	59	ILE
27	X	63	GLN
27	X	72	VAL
27	X	79	ASN
27	X	94	ASN
27	X	103	LEU
27	X	107	PHE
27	X	127	VAL
27	X	138	GLU
27	X	144	ARG
28	Y	35	VAL
28	Y	74	LEU
28	Y	84	LYS
28	Y	90	ARG
28	Y	99	LYS
28	Y	105	ARG
28	Y	106	GLN
28	Y	121	THR
28	Y	132	ARG
29	Z	42	LEU
29	Z	46	LYS
29	Z	65	LEU
29	Z	68	ARG
29	Z	75	LEU
29	Z	77	ARG
29	Z	81	ARG
30	a	12	LYS
30	a	36	ILE
30	a	38	ARG
30	a	59	TYR

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
30	a	64	LEU
30	a	75	ILE
30	a	83	ILE
30	a	84	VAL
31	b	3	LEU
31	b	23	THR
31	b	24	LEU
31	b	31	HIS
31	b	52	THR
32	c	14	LYS
32	c	16	LEU
32	c	49	ARG
32	c	50	GLU
32	c	64	ARG
32	c	66	LEU
33	d	16	LYS
33	d	19	ARG
33	d	30	LEU
33	d	38	ILE
33	d	39	ASP
33	d	41	GLN
34	e	8	LEU
34	e	17	GLN
34	e	18	THR
34	e	24	GLN
34	e	26	LYS
34	e	36	LYS
34	e	53	LYS
34	e	55	LYS
35	f	81	LYS
35	f	83	LYS
35	f	87	THR
35	f	91	ILE
35	f	102	VAL
36	g	6	ILE
36	g	8	LEU
36	g	11	ARG
36	g	26	THR
36	g	54	GLN
36	g	70	GLN
36	g	72	VAL
36	g	82	VAL

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
36	g	87	ASP
36	g	94	ASN
36	g	101	GLU
36	g	114	VAL
36	g	130	LYS
36	g	149	THR
36	g	157	VAL
36	g	172	ILE
36	g	175	VAL
36	g	181	LYS
36	g	188	LEU
36	g	195	ILE
36	g	196	GLU
36	g	203	ASN
36	g	206	ILE
36	g	210	GLN
36	g	223	LYS
36	g	246	GLU
36	g	250	LEU
36	g	259	LEU
36	g	280	GLU
36	g	290	LYS
36	g	293	ASP
36	g	308	LEU
36	g	318	ARG
37	h	10	THR
37	h	13	LEU
37	h	16	LYS
38	i	5	ASN
38	i	14	ARG
38	i	34	GLU
38	i	39	THR
38	i	42	LEU
38	i	77	ILE
38	i	79	VAL
38	i	82	ARG
38	i	90	ASP
38	i	92	VAL
39	j	11	ASN
39	j	19	ILE
39	j	33	TYR
39	j	37	LEU

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
39	j	39	TYR
39	j	42	ILE
39	j	45	MET
39	j	59	ILE
39	j	70	VAL
39	j	79	GLU
39	j	85	LEU
39	j	106	LYS
39	j	123	LEU
39	j	163	LYS
39	j	166	LEU
39	j	169	LEU
39	j	205	LEU
39	j	230	LEU
39	j	235	LEU
39	j	251	ILE
39	j	255	ILE
40	k	274	ILE
40	k	286	GLN
40	k	311	ILE
40	k	315	LEU
40	k	318	ILE
40	k	352	GLU
40	k	356	ARG
40	k	373	ILE
40	k	395	LEU
40	k	402	VAL
40	k	403	ASP
40	k	437	LEU
40	k	508	HIS
41	l	180	ILE
41	l	191	LEU
41	l	201	THR
41	l	211	LEU
41	l	242	ILE
41	l	254	LEU
42	m	5	ILE
42	m	15	ARG
42	m	48	ARG
42	m	53	ILE
42	m	111	ILE
42	m	113	LYS

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
42	m	117	LEU
42	m	118	VAL
42	m	130	MET
42	m	132	LEU
43	o	54	LYS
43	o	56	LEU
43	o	116	LYS
43	o	168	LEU
43	o	178	THR
43	o	384	LEU
43	o	399	THR
43	o	448	LEU
43	o	467	LYS
43	o	480	ILE
44	p	158	TYR
44	p	277	VAL
44	p	336	TRP
44	p	418	THR
44	p	444	GLN
44	p	616	ASP
44	p	678	LYS
45	q	273	GLN
45	q	407	LEU
45	q	430	THR
45	q	496	ILE
45	q	532	ILE
45	q	557	LEU
45	q	567	LEU
45	q	580	LEU
45	q	611	HIS
45	q	630	ILE
45	q	644	ARG
45	q	645	ILE
45	q	722	LEU
45	q	733	TYR
45	q	783	GLU
47	s	244	VAL
47	s	314	ASP
47	s	317	ILE

Sometimes sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (177) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
4	A	15	GLN
4	A	23	HIS
4	A	33	GLN
4	A	83	GLN
4	A	109	ASN
5	B	40	ASN
5	B	79	HIS
5	B	101	HIS
5	B	118	GLN
5	B	194	ASN
5	B	209	ASN
5	B	220	GLN
6	C	72	GLN
6	C	80	ASN
6	C	87	ASN
6	C	99	GLN
6	C	152	ASN
6	C	157	HIS
6	C	233	ASN
7	D	111	ASN
7	D	159	HIS
8	E	50	ASN
8	E	130	GLN
8	E	142	HIS
8	E	197	HIS
8	E	216	ASN
8	E	224	ASN
9	F	37	GLN
9	F	88	GLN
9	F	102	ASN
9	F	133	GLN
10	G	81	HIS
10	G	139	ASN
10	G	197	ASN
11	H	5	GLN
11	H	11	GLN
11	H	110	GLN
11	H	150	GLN
11	H	164	ASN
11	H	170	GLN
12	I	35	ASN
12	I	44	HIS
12	I	64	ASN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
12	I	119	GLN
12	I	176	GLN
13	J	38	ASN
13	J	48	GLN
13	J	110	GLN
14	K	13	GLN
14	K	29	GLN
14	K	39	ASN
14	K	62	GLN
14	K	85	HIS
15	L	8	GLN
15	L	22	ASN
15	L	127	GLN
15	L	138	ASN
16	M	116	ASN
16	M	134	GLN
17	N	49	GLN
17	N	62	GLN
17	N	69	ASN
17	N	78	ASN
17	N	105	ASN
17	N	138	ASN
18	O	10	ASN
18	O	80	HIS
19	P	79	HIS
19	P	82	ASN
20	Q	8	GLN
20	Q	83	GLN
20	Q	94	GLN
21	R	29	GLN
21	R	42	GLN
21	R	101	ASN
21	R	105	GLN
22	S	74	GLN
22	S	75	ASN
22	S	99	HIS
22	S	136	GLN
23	T	64	HIS
23	T	70	GLN
23	T	101	ASN
23	T	127	ASN
24	U	33	GLN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
25	V	21	ASN
25	V	81	ASN
26	W	24	GLN
26	W	42	GLN
26	W	64	GLN
27	X	18	HIS
27	X	22	ASN
27	X	79	ASN
28	Y	15	ASN
28	Y	22	GLN
28	Y	29	HIS
28	Y	110	GLN
29	Z	85	ASN
30	a	11	ASN
30	a	17	HIS
30	a	80	HIS
31	b	26	GLN
31	b	49	HIS
33	d	27	HIS
33	d	41	GLN
33	d	48	ASN
34	e	24	GLN
34	e	46	ASN
36	g	94	ASN
36	g	136	ASN
36	g	203	ASN
36	g	210	GLN
36	g	226	GLN
36	g	274	ASN
36	g	321	GLN
38	i	37	GLN
38	i	44	ASN
38	i	85	GLN
38	i	88	GLN
39	j	60	GLN
40	k	98	GLN
40	k	226	GLN
40	k	232	HIS
40	k	248	GLN
40	k	290	ASN
40	k	324	ASN
40	k	384	GLN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
40	k	433	ASN
40	k	450	GLN
40	k	508	HIS
41	l	193	GLN
41	l	252	ASN
42	m	4	ASN
42	m	77	ASN
42	m	94	ASN
42	m	115	ASN
42	m	134	HIS
42	m	143	ASN
43	o	25	GLN
43	o	32	HIS
43	o	74	GLN
43	o	216	GLN
43	o	243	GLN
43	o	281	ASN
43	o	285	ASN
43	o	402	GLN
43	o	438	GLN
43	o	445	GLN
44	p	82	ASN
44	p	135	ASN
44	p	145	HIS
44	p	230	ASN
44	p	469	GLN
44	p	513	ASN
44	p	588	ASN
44	p	592	ASN
44	p	712	GLN
44	p	736	GLN
45	q	457	ASN
45	q	462	GLN
45	q	495	ASN
45	q	499	GLN
45	q	506	ASN
45	q	529	GLN
45	q	565	GLN
45	q	568	ASN
45	q	583	GLN
45	q	586	HIS
45	q	595	ASN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
45	q	604	GLN
45	q	611	HIS
47	s	15	GLN
47	s	123	ASN
47	s	145	HIS
47	s	219	ASN
47	s	241	ASN
47	s	320	HIS

5.3.3 RNA ⓘ

Mol	Chain	Analysed	Backbone Outliers	Pucker Outliers
1	1	72/75 (96%)	28 (38%)	7 (9%)
2	2	1777/1798 (98%)	653 (36%)	60 (3%)
3	3	27/49 (55%)	15 (55%)	3 (11%)
All	All	1876/1922 (97%)	696 (37%)	70 (3%)

All (696) RNA backbone outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	1	8	U
1	1	9	1MG
1	1	10	2MG
1	1	15	G
1	1	16	H2U
1	1	19	G
1	1	20	A
1	1	21	A
1	1	22	G
1	1	23	C
1	1	26	M2G
1	1	40	C
1	1	44	A
1	1	46	7MG
1	1	47	H2U
1	1	48	5MC
1	1	49	5MC
1	1	52	G
1	1	58	1MA
1	1	59	A
1	1	60	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	61	C
1	1	64	RIA
1	1	68	G
1	1	71	C
1	1	74	C
1	1	75	C
1	1	76	A
2	2	2	A
2	2	3	U
2	2	4	C
2	2	5	U
2	2	13	C
2	2	16	G
2	2	17	C
2	2	25	C
2	2	27	U
2	2	34	G
2	2	42	G
2	2	46	A
2	2	47	A
2	2	57	G
2	2	58	U
2	2	59	C
2	2	60	U
2	2	61	A
2	2	64	U
2	2	66	U
2	2	67	A
2	2	68	A
2	2	69	G
2	2	72	A
2	2	73	U
2	2	74	U
2	2	75	U
2	2	76	A
2	2	77	U
2	2	78	A
2	2	79	C
2	2	101	U
2	2	104	A
2	2	111	U
2	2	114	C

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	115	G
2	2	116	U
2	2	123	G
2	2	124	A
2	2	127	G
2	2	128	U
2	2	129	U
2	2	130	C
2	2	131	C
2	2	132	U
2	2	134	U
2	2	135	A
2	2	136	C
2	2	137	U
2	2	139	C
2	2	140	A
2	2	141	U
2	2	143	G
2	2	144	A
2	2	146	A
2	2	147	U
2	2	150	G
2	2	158	U
2	2	159	C
2	2	160	U
2	2	161	A
2	2	167	A
2	2	168	A
2	2	172	A
2	2	173	U
2	2	176	U
2	2	177	U
2	2	178	A
2	2	181	A
2	2	183	C
2	2	185	C
2	2	187	A
2	2	190	C
2	2	191	U
2	2	192	U
2	2	194	G
2	2	195	G

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	209	A
2	2	214	A
2	2	217	A
2	2	218	A
2	2	219	A
2	2	220	A
2	2	226	U
2	2	227	G
2	2	228	U
2	2	230	U
2	2	231	U
2	2	232	C
2	2	234	G
2	2	235	A
2	2	237	U
2	2	239	C
2	2	240	U
2	2	248	U
2	2	249	C
2	2	256	A
2	2	259	U
2	2	260	U
2	2	264	A
2	2	265	A
2	2	266	U
2	2	267	C
2	2	271	U
2	2	275	C
2	2	276	U
2	2	277	U
2	2	278	G
2	2	279	U
2	2	280	G
2	2	282	U
2	2	286	G
2	2	289	G
2	2	294	A
2	2	298	A
2	2	301	U
2	2	307	C
2	2	308	C
2	2	311	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	313	C
2	2	314	A
2	2	315	A
2	2	319	U
2	2	320	C
2	2	321	G
2	2	331	U
2	2	334	U
2	2	336	G
2	2	337	C
2	2	351	A
2	2	359	A
2	2	360	C
2	2	368	A
2	2	382	G
2	2	389	G
2	2	392	C
2	2	399	A
2	2	400	A
2	2	401	C
2	2	404	C
2	2	411	A
2	2	412	U
2	2	415	A
2	2	416	A
2	2	417	G
2	2	421	G
2	2	422	G
2	2	423	C
2	2	424	A
2	2	425	G
2	2	427	A
2	2	433	G
2	2	438	U
2	2	439	U
2	2	440	A
2	2	443	C
2	2	444	A
2	2	447	C
2	2	457	G
2	2	458	G
2	2	459	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	468	C
2	2	474	A
2	2	479	G
2	2	482	A
2	2	483	C
2	2	488	C
2	2	489	C
2	2	490	C
2	2	491	A
2	2	492	U
2	2	493	U
2	2	495	G
2	2	496	G
2	2	499	C
2	2	502	G
2	2	505	A
2	2	506	U
2	2	507	U
2	2	508	G
2	2	509	G
2	2	510	A
2	2	513	G
2	2	516	U
2	2	518	C
2	2	526	A
2	2	527	U
2	2	531	U
2	2	533	A
2	2	535	C
2	2	537	A
2	2	539	G
2	2	540	A
2	2	541	A
2	2	542	C
2	2	543	A
2	2	544	A
2	2	545	C
2	2	547	G
2	2	548	G
2	2	557	U
2	2	558	C
2	2	564	C

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	567	G
2	2	570	G
2	2	577	U
2	2	578	A
2	2	582	C
2	2	584	A
2	2	593	A
2	2	594	G
2	2	597	U
2	2	598	A
2	2	605	A
2	2	609	G
2	2	610	U
2	2	614	A
2	2	618	A
2	2	619	A
2	2	620	A
2	2	621	A
2	2	622	A
2	2	623	G
2	2	637	U
2	2	638	U
2	2	639	U
2	2	641	G
2	2	649	U
2	2	652	C
2	2	653	C
2	2	654	G
2	2	655	G
2	2	657	C
2	2	677	G
2	2	678	U
2	2	680	U
2	2	684	A
2	2	686	C
2	2	691	U
2	2	693	U
2	2	694	U
2	2	695	U
2	2	696	C
2	2	697	C
2	2	698	U

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	701	U
2	2	702	G
2	2	704	C
2	2	705	U
2	2	709	C
2	2	710	U
2	2	711	G
2	2	712	U
2	2	714	C
2	2	715	U
2	2	716	C
2	2	717	C
2	2	718	U
2	2	719	U
2	2	721	U
2	2	722	G
2	2	725	U
2	2	727	C
2	2	728	A
2	2	729	G
2	2	731	C
2	2	732	G
2	2	733	A
2	2	734	A
2	2	736	C
2	2	737	A
2	2	738	G
2	2	739	G
2	2	741	C
2	2	742	U
2	2	743	U
2	2	745	U
2	2	755	A
2	2	756	A
2	2	760	A
2	2	762	A
2	2	765	G
2	2	766	PSU
2	2	771	A
2	2	774	A
2	2	778	G
2	2	779	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	780	A
2	2	781	A
2	2	782	G
2	2	783	C
2	2	788	A
2	2	789	U
2	2	792	A
2	2	793	U
2	2	794	U
2	2	809	G
2	2	811	A
2	2	812	U
2	2	813	A
2	2	814	G
2	2	817	C
2	2	819	U
2	2	820	U
2	2	822	G
2	2	823	G
2	2	826	C
2	2	828	A
2	2	829	U
2	2	832	U
2	2	839	U
2	2	840	U
2	2	845	G
2	2	852	G
2	2	854	A
2	2	855	A
2	2	859	U
2	2	862	A
2	2	863	U
2	2	872	U
2	2	874	G
2	2	876	G
2	2	881	U
2	2	885	U
2	2	894	G
2	2	895	U
2	2	896	C
2	2	897	A
2	2	898	G

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	899	A
2	2	903	G
2	2	905	A
2	2	910	U
2	2	911	U
2	2	912	G
2	2	913	G
2	2	914	A
2	2	915	U
2	2	916	U
2	2	917	U
2	2	919	U
2	2	920	U
2	2	921	G
2	2	923	A
2	2	932	A
2	2	934	U
2	2	941	G
2	2	944	U
2	2	947	G
2	2	950	A
2	2	958	U
2	2	959	U
2	2	965	A
2	2	969	A
2	2	970	A
2	2	972	A
2	2	981	U
2	2	982	A
2	2	986	G
2	2	987	A
2	2	991	A
2	2	993	G
2	2	995	U
2	2	997	A
2	2	1008	U
2	2	1009	C
2	2	1011	U
2	2	1015	C
2	2	1018	A
2	2	1020	C
2	2	1024	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	1025	A
2	2	1026	A
2	2	1027	C
2	2	1030	U
2	2	1031	G
2	2	1033	C
2	2	1034	G
2	2	1038	A
2	2	1039	G
2	2	1041	G
2	2	1042	A
2	2	1048	U
2	2	1049	G
2	2	1050	G
2	2	1051	U
2	2	1052	G
2	2	1054	U
2	2	1056	U
2	2	1057	U
2	2	1058	C
2	2	1059	U
2	2	1060	U
2	2	1062	U
2	2	1075	A
2	2	1080	A
2	2	1081	C
2	2	1082	G
2	2	1084	G
2	2	1085	A
2	2	1091	A
2	2	1092	A
2	2	1093	G
2	2	1095	C
2	2	1096	U
2	2	1097	U
2	2	1099	G
2	2	1103	U
2	2	1104	C
2	2	1106	G
2	2	1110	G
2	2	1113	G
2	2	1118	G

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	1137	A
2	2	1142	A
2	2	1149	G
2	2	1150	A
2	2	1154	G
2	2	1155	C
2	2	1157	C
2	2	1158	C
2	2	1163	G
2	2	1166	G
2	2	1184	U
2	2	1185	U
2	2	1187	G
2	2	1189	C
2	2	1193	A
2	2	1195	A
2	2	1198	G
2	2	1199	G
2	2	1201	A
2	2	1206	C
2	2	1207	A
2	2	1208	C
2	2	1211	G
2	2	1213	U
2	2	1216	A
2	2	1217	G
2	2	1224	U
2	2	1226	A
2	2	1227	G
2	2	1228	G
2	2	1230	U
2	2	1236	G
2	2	1237	A
2	2	1243	A
2	2	1244	G
2	2	1245	C
2	2	1246	U
2	2	1247	C
2	2	1249	U
2	2	1250	U
2	2	1254	G
2	2	1255	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	1256	U
2	2	1260	G
2	2	1262	G
2	2	1265	U
2	2	1268	U
2	2	1269	G
2	2	1272	G
2	2	1273	C
2	2	1275	U
2	2	1283	C
2	2	1284	U
2	2	1287	G
2	2	1296	G
2	2	1306	U
2	2	1311	A
2	2	1313	U
2	2	1314	U
2	2	1315	G
2	2	1317	G
2	2	1320	A
2	2	1321	A
2	2	1324	A
2	2	1336	A
2	2	1337	C
2	2	1338	C
2	2	1339	U
2	2	1343	A
2	2	1344	A
2	2	1347	A
2	2	1353	G
2	2	1355	U
2	2	1360	C
2	2	1361	U
2	2	1362	U
2	2	1363	G
2	2	1364	C
2	2	1366	G
2	2	1369	U
2	2	1370	G
2	2	1380	A
2	2	1383	G
2	2	1386	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	1388	U
2	2	1389	A
2	2	1390	U
2	2	1393	G
2	2	1396	U
2	2	1397	C
2	2	1398	A
2	2	1400	G
2	2	1408	A
2	2	1409	A
2	2	1410	G
2	2	1411	U
2	2	1412	U
2	2	1413	U
2	2	1414	G
2	2	1416	G
2	2	1418	C
2	2	1423	A
2	2	1424	C
2	2	1425	A
2	2	1426	2MG
2	2	1427	G
2	2	1429	C
2	2	1430	U
2	2	1431	G
2	2	1442	A
2	2	1443	G
2	2	1444	A
2	2	1455	C
2	2	1456	G
2	2	1457	C
2	2	1458	A
2	2	1460	G
2	2	1464	G
2	2	1467	A
2	2	1469	A
2	2	1471	U
2	2	1472	G
2	2	1476	G
2	2	1479	C
2	2	1480	C
2	2	1481	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	1482	G
2	2	1483	C
2	2	1484	G
2	2	1488	A
2	2	1489	C
2	2	1490	A
2	2	1491	A
2	2	1494	U
2	2	1504	G
2	2	1510	G
2	2	1512	U
2	2	1513	A
2	2	1514	A
2	2	1515	U
2	2	1516	C
2	2	1519	G
2	2	1520	U
2	2	1521	G
2	2	1522	A
2	2	1532	G
2	2	1533	U
2	2	1535	C
2	2	1536	U
2	2	1538	G
2	2	1540	G
2	2	1552	U
2	2	1554	A
2	2	1555	U
2	2	1557	A
2	2	1558	U
2	2	1566	C
2	2	1570	2MG
2	2	1571	A
2	2	1572	G
2	2	1573	7MG
2	2	1581	A
2	2	1588	G
2	2	1595	A
2	2	1597	C
2	2	1598	A
2	2	1599	G
2	2	1600	C

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	1605	G
2	2	1614	G
2	2	1617	C
2	2	1620	G
2	2	1629	A
2	2	1632	C
2	2	1633	A
2	2	1634	C
2	2	1644	C
2	2	1647	G
2	2	1648	U
2	2	1655	U
2	2	1656	G
2	2	1662	C
2	2	1667	U
2	2	1676	A
2	2	1678	G
2	2	1679	A
2	2	1680	U
2	2	1682	U
2	2	1685	U
2	2	1686	U
2	2	1687	A
2	2	1688	G
2	2	1692	A
2	2	1693	G
2	2	1694	G
2	2	1695	G
2	2	1696	G
2	2	1697	G
2	2	1698	C
2	2	1699	A
2	2	1700	A
2	2	1702	U
2	2	1703	C
2	2	1706	U
2	2	1707	C
2	2	1709	C
2	2	1710	A
2	2	1711	G
2	2	1712	A
2	2	1715	G

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	1719	A
2	2	1725	G
2	2	1729	A
2	2	1734	G
2	2	1742	A
2	2	1743	G
2	2	1748	A
2	2	1750	U
2	2	1753	A
2	2	1755	G
2	2	1758	G
2	2	1760	A
2	2	1763	A
2	2	1764	A
2	2	1766	G
2	2	1767	U
2	2	1768	U
2	2	1769	U
2	2	1778	G
2	2	1780	MA6
2	2	1781	C
2	2	1787	G
2	2	1788	A
2	2	1790	G
2	2	1791	G
2	2	1792	A
2	2	1793	U
2	2	1794	C
2	2	1796	U
2	2	1798	A
3	3	22	U
3	3	23	A
3	3	24	U
3	3	25	A
3	3	26	A
3	3	34	U
3	3	35	C
3	3	36	U
3	3	38	C
3	3	39	U
3	3	40	C
3	3	41	U

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
3	3	42	C
3	3	43	U
3	3	45	U

All (70) RNA pucker outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	1	7	G
1	1	43	G
1	1	46	7MG
1	1	47	H2U
1	1	48	5MC
1	1	58	1MA
1	1	74	C
2	2	3	U
2	2	44	U
2	2	66	U
2	2	74	U
2	2	128	U
2	2	129	U
2	2	130	C
2	2	131	C
2	2	176	U
2	2	189	C
2	2	190	C
2	2	216	A
2	2	217	A
2	2	239	C
2	2	248	U
2	2	277	U
2	2	279	U
2	2	319	U
2	2	399	A
2	2	451	A
2	2	542	C
2	2	544	A
2	2	597	U
2	2	685	A
2	2	693	U
2	2	700	C
2	2	721	U
2	2	780	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	810	A
2	2	828	A
2	2	854	A
2	2	896	C
2	2	914	A
2	2	943	A
2	2	946	U
2	2	1057	U
2	2	1058	C
2	2	1080	A
2	2	1107	G
2	2	1198	G
2	2	1206	C
2	2	1226	A
2	2	1320	A
2	2	1338	C
2	2	1343	A
2	2	1430	U
2	2	1455	C
2	2	1456	G
2	2	1470	C
2	2	1479	C
2	2	1513	A
2	2	1515	U
2	2	1570	2MG
2	2	1571	A
2	2	1599	G
2	2	1613	C
2	2	1678	G
2	2	1753	A
2	2	1765	G
2	2	1766	G
3	3	33	C
3	3	35	C
3	3	38	C

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

24 non-standard protein/DNA/RNA residues are modelled in this entry.

In the following table, the Counts columns list the number of bonds (or angles) for which Mogul statistics could be retrieved, the number of bonds (or angles) that are observed in the model and the number of bonds (or angles) that are defined in the Chemical Component Dictionary. The

Link column lists molecule types, if any, to which the group is linked. 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 $|Z| > 2$ is considered an outlier worth inspection. RMSZ is the root-mean-square of all Z scores of the bond lengths (or angles).

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	# Z > 2	Counts	RMSZ	# Z > 2
1	1MA	1	58	1	21,25,26	1.51	5 (23%)	30,37,40	1.90	5 (16%)
2	PSU	2	120	2	18,21,22	1.42	2 (11%)	21,30,33	2.10	5 (23%)
1	RIA	1	64	1	35,38,39	0.33	0	50,57,60	0.67	0
1	H2U	1	47	1	18,21,22	0.80	0	19,30,33	1.30	3 (15%)
5	AYA	B	2	-	6,7,8	0.67	0	6,8,10	1.10	1 (16%)
2	2MG	2	1426	48,2	23,26,27	1.19	3 (13%)	33,38,41	3.41	11 (33%)
2	5MC	2	1637	2	19,22,23	1.92	2 (10%)	26,32,35	1.38	6 (23%)
2	7MG	2	1573	1,2	23,26,27	1.53	7 (30%)	27,39,42	2.72	6 (22%)
1	1MG	1	9	1	23,26,27	1.39	3 (13%)	33,39,42	2.02	8 (24%)
2	C4J	2	1190	2	25,29,30	0.86	1 (4%)	28,42,45	1.06	1 (3%)
2	2MG	2	1570	2	23,26,27	1.28	2 (8%)	33,38,41	2.27	8 (24%)
1	M2G	1	26	1	24,27,28	1.44	4 (16%)	33,40,43	2.04	6 (18%)
1	5MC	1	48	1	19,22,23	1.89	2 (10%)	26,32,35	1.32	4 (15%)
2	PSU	2	998	2	18,21,22	1.46	3 (16%)	21,30,33	2.07	4 (19%)
2	PSU	2	1289	2	18,21,22	1.51	3 (16%)	21,30,33	2.06	4 (19%)
1	5MC	1	49	1	19,22,23	1.99	2 (10%)	26,32,35	1.36	5 (19%)
2	PSU	2	465	2	18,21,22	1.55	3 (16%)	21,30,33	2.02	5 (23%)
1	T6A	1	37	1	31,34,35	1.41	4 (12%)	43,49,52	2.50	18 (41%)
2	5MC	2	1006	2	19,22,23	1.49	2 (10%)	26,32,35	1.74	6 (23%)
2	PSU	2	766	2	18,21,22	1.38	2 (11%)	21,30,33	2.29	5 (23%)
1	7MG	1	46	1	23,26,27	1.46	4 (17%)	27,39,42	2.68	6 (22%)
1	2MG	1	10	1	23,26,27	1.33	4 (17%)	33,38,41	2.26	6 (18%)
1	H2U	1	16	1	18,21,22	0.81	1 (5%)	19,30,33	1.45	3 (15%)
2	MA6	2	1780	2	23,26,27	1.61	5 (21%)	33,38,41	2.41	13 (39%)

In the following table, the Chirals column lists the number of chiral outliers, the number of chiral centers analysed, the number of these observed in the model and the number defined in the Chemical Component Dictionary. Similar counts are reported in the Torsion and Rings columns. '-' means no outliers of that kind were identified.

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
1	1MA	1	58	1	-	0/7/25/26	0/3/3/3
2	PSU	2	120	2	-	0/7/25/26	0/2/2/2

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
1	RIA	1	64	1	-	3/17/51/52	0/4/4/4
1	H2U	1	47	1	-	5/7/38/39	0/2/2/2
5	AYA	B	2	-	-	0/5/6/8	-
2	2MG	2	1426	48,2	-	2/9/27/28	0/3/3/3
2	5MC	2	1637	2	-	1/7/25/26	0/2/2/2
2	7MG	2	1573	1,2	-	2/7/37/38	0/3/3/3
1	1MG	1	9	1	-	2/7/25/26	0/3/3/3
2	C4J	2	1190	2	1/1/7/7	1/16/34/35	0/2/2/2
2	2MG	2	1570	2	-	0/9/27/28	0/3/3/3
1	M2G	1	26	1	-	6/11/29/30	0/3/3/3
1	5MC	1	48	1	-	3/7/25/26	0/2/2/2
2	PSU	2	998	2	-	0/7/25/26	0/2/2/2
2	PSU	2	1289	2	-	0/7/25/26	0/2/2/2
1	5MC	1	49	1	-	1/7/25/26	0/2/2/2
2	PSU	2	465	2	-	0/7/25/26	0/2/2/2
1	T6A	1	37	1	-	8/23/41/42	0/3/3/3
2	5MC	2	1006	2	-	0/7/25/26	0/2/2/2
2	PSU	2	766	2	-	0/7/25/26	0/2/2/2
1	7MG	1	46	1	-	1/7/37/38	0/3/3/3
1	2MG	1	10	1	-	2/9/27/28	0/3/3/3
1	H2U	1	16	1	-	1/7/38/39	0/2/2/2
2	MA6	2	1780	2	-	6/11/29/30	0/3/3/3

All (64) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	1	49	5MC	C5-C4	7.36	1.49	1.44
2	2	1637	5MC	C5-C4	7.10	1.49	1.44
1	1	48	5MC	C5-C4	7.02	1.49	1.44
2	2	1006	5MC	C5-C4	5.10	1.48	1.44
1	1	37	T6A	C5-C4	4.77	1.47	1.39
2	2	1780	MA6	C5-C4	4.71	1.47	1.39
2	2	465	PSU	C6-C5	4.49	1.40	1.35
2	2	1289	PSU	C6-C5	4.39	1.40	1.35
2	2	998	PSU	C6-C5	4.23	1.40	1.35
2	2	120	PSU	C6-C5	4.18	1.39	1.35
2	2	766	PSU	C6-C5	3.84	1.39	1.35
1	1	26	M2G	C2-N2	3.83	1.42	1.35
1	1	46	7MG	C5-C4	3.55	1.48	1.37
1	1	58	1MA	C5-C4	3.49	1.48	1.38

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
2	2	1190	C4J	C4-C5	-3.48	1.39	1.47
1	1	58	1MA	C6-N6	3.47	1.36	1.28
1	1	9	1MG	C5-C4	3.41	1.48	1.38
1	1	10	2MG	C5-C4	3.37	1.48	1.38
1	1	49	5MC	C6-C5	3.37	1.40	1.34
2	2	1573	7MG	C5-C4	3.34	1.47	1.37
1	1	26	M2G	C5-C4	3.34	1.47	1.38
1	1	9	1MG	C2-N1	3.33	1.43	1.37
2	2	1637	5MC	C6-C5	3.33	1.40	1.34
2	2	1570	2MG	C5-C4	3.28	1.47	1.38
1	1	48	5MC	C6-C5	2.97	1.39	1.34
2	2	1780	MA6	C5-C6	2.96	1.49	1.41
2	2	1573	7MG	C4-N9	-2.89	1.34	1.37
2	2	1573	7MG	C8-N9	2.86	1.47	1.45
1	1	37	T6A	C5-C6	2.77	1.48	1.41
1	1	58	1MA	C2-N3	2.77	1.35	1.30
1	1	10	2MG	C2-N3	2.74	1.37	1.32
2	2	465	PSU	C4-N3	-2.73	1.33	1.38
2	2	1426	2MG	C5-C4	2.68	1.46	1.38
2	2	1289	PSU	C4-N3	-2.67	1.33	1.38
1	1	46	7MG	C4-N9	-2.66	1.34	1.37
2	2	766	PSU	C4-N3	-2.60	1.34	1.38
2	2	1780	MA6	C8-N7	2.59	1.36	1.31
1	1	46	7MG	C8-N9	2.53	1.47	1.45
2	2	1006	5MC	C6-N1	-2.51	1.33	1.38
2	2	1780	MA6	C5-N7	-2.47	1.34	1.39
2	2	1570	2MG	C2-N3	2.38	1.36	1.32
2	2	998	PSU	C4-N3	-2.31	1.34	1.38
1	1	37	T6A	C5-N7	-2.31	1.34	1.39
2	2	465	PSU	C2-N3	-2.29	1.33	1.37
1	1	46	7MG	C5-C6	2.28	1.49	1.43
1	1	37	T6A	C8-N7	2.24	1.36	1.31
1	1	58	1MA	C5-N7	-2.23	1.34	1.39
2	2	1573	7MG	C6-N1	-2.21	1.34	1.38
1	1	10	2MG	C5-N7	-2.20	1.34	1.39
2	2	120	PSU	C4-N3	-2.19	1.34	1.38
1	1	26	M2G	C5-N7	-2.17	1.34	1.39
2	2	1573	7MG	C1'-N9	2.16	1.50	1.46
2	2	1780	MA6	C4-N9	-2.13	1.33	1.37
2	2	1573	7MG	C5-C6	2.12	1.48	1.43
1	1	26	M2G	C2-N3	2.12	1.37	1.32
2	2	1426	2MG	C5-N7	-2.12	1.34	1.39

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
2	2	998	PSU	C4-C5	2.11	1.50	1.44
2	2	1426	2MG	C4-N9	-2.10	1.32	1.38
1	1	10	2MG	C6-N1	-2.06	1.35	1.38
2	2	1573	7MG	C5-N7	-2.06	1.33	1.35
1	1	16	H2U	C2-N3	-2.04	1.34	1.38
1	1	58	1MA	C5-C6	2.02	1.49	1.43
2	2	1289	PSU	C4-C5	2.02	1.49	1.44
1	1	9	1MG	C5-N7	-2.01	1.35	1.39

All (139) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
2	2	1426	2MG	N1-C2-N2	10.90	127.69	116.56
2	2	1426	2MG	C2-N3-C4	8.91	123.14	112.00
2	2	1573	7MG	N9-C4-N3	8.88	138.48	125.46
1	1	46	7MG	N9-C4-N3	8.72	138.24	125.46
1	1	37	T6A	C12-N11-C10	8.54	136.19	121.99
1	1	10	2MG	C2-N3-C4	7.82	121.78	112.00
2	2	1426	2MG	N2-C2-N3	-7.65	110.77	120.51
2	2	1570	2MG	C2-N3-C4	7.65	121.56	112.00
2	2	1289	PSU	N1-C2-N3	6.54	122.07	115.17
1	1	26	M2G	C5-C4-N3	-6.45	118.12	128.39
1	1	10	2MG	C5-C4-N3	-6.40	118.20	128.39
2	2	465	PSU	N1-C2-N3	6.35	121.86	115.17
2	2	766	PSU	N1-C2-N3	6.34	121.86	115.17
2	2	998	PSU	N1-C2-N3	6.25	121.76	115.17
2	2	1426	2MG	C5-C4-N3	-5.98	118.88	128.39
2	2	120	PSU	N1-C2-N3	5.90	121.39	115.17
1	1	58	1MA	C5-C4-N3	-5.86	118.65	127.27
2	2	1573	7MG	C5-C4-N3	-5.77	117.30	128.13
1	1	9	1MG	C5-C4-N3	-5.72	119.28	128.39
2	2	1570	2MG	C5-C4-N3	-5.64	119.42	128.39
1	1	37	T6A	C5-C4-N3	-5.54	119.09	126.72
1	1	46	7MG	C5-C4-N3	-5.43	117.94	128.13
2	2	1780	MA6	C5-C4-N3	-5.40	119.28	126.72
1	1	26	M2G	C2-N3-C4	5.33	122.36	112.51
2	2	1573	7MG	N9-C8-N7	-5.07	96.19	103.37
1	1	9	1MG	C2-N3-C4	4.95	123.10	111.98
1	1	46	7MG	N9-C8-N7	-4.94	96.38	103.37
1	1	58	1MA	C2-N3-C4	4.79	121.93	112.53
1	1	46	7MG	C2-N3-C4	4.79	120.55	112.30
1	1	26	M2G	N9-C4-N3	4.78	135.50	125.95

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
2	2	1573	7MG	C2-N3-C4	4.76	120.51	112.30
1	1	10	2MG	N9-C4-N3	4.62	135.19	125.95
2	2	1426	2MG	C6-C5-N7	4.55	138.57	130.29
1	1	37	T6A	N3-C4-N9	4.47	134.77	127.17
2	2	766	PSU	C4-N3-C2	-4.43	120.27	126.37
2	2	1780	MA6	C2-N1-C6	4.41	122.60	111.83
2	2	1006	5MC	C5-C4-N3	-4.32	117.32	121.75
2	2	1780	MA6	C9-N6-C6	-4.22	109.78	120.52
1	1	9	1MG	N9-C4-N3	4.16	134.28	125.95
2	2	1006	5MC	CM5-C5-C6	-4.12	117.27	122.85
2	2	1780	MA6	C4-C5-N7	-3.99	106.02	110.58
2	2	1289	PSU	C4-N3-C2	-3.96	120.91	126.37
1	1	16	H2U	O4'-C1'-N1	3.94	114.67	109.30
2	2	120	PSU	C4-N3-C2	-3.93	120.95	126.37
2	2	998	PSU	C4-N3-C2	-3.91	120.98	126.37
2	2	1570	2MG	N9-C4-N3	3.84	133.62	125.95
2	2	1570	2MG	C6-C5-N7	3.83	137.26	130.29
2	2	1780	MA6	C10-N6-C6	-3.83	110.78	120.52
2	2	1780	MA6	C2-N3-C4	3.79	121.09	111.83
2	2	766	PSU	O2-C2-N1	-3.74	118.93	122.79
2	2	120	PSU	O2-C2-N1	-3.72	118.95	122.79
1	1	37	T6A	C2-N3-C4	3.69	120.83	111.83
2	2	465	PSU	C4-N3-C2	-3.67	121.32	126.37
1	1	58	1MA	N9-C4-N3	3.66	135.24	126.90
1	1	37	T6A	C14-C12-C13	3.66	116.41	110.03
2	2	1190	C4J	C4-N3-C2	-3.64	121.14	125.62
1	1	37	T6A	N3-C2-N1	-3.63	123.09	128.58
2	2	1573	7MG	O4'-C1'-N9	3.62	114.22	109.30
1	1	37	T6A	C2'-C1'-N9	-3.56	104.45	113.30
2	2	1780	MA6	N1-C2-N3	-3.54	123.22	128.58
2	2	998	PSU	O2-C2-N1	-3.54	119.14	122.79
2	2	1780	MA6	N3-C4-N9	3.52	133.15	127.17
1	1	37	T6A	C4-C5-N7	-3.50	106.58	110.58
1	1	37	T6A	C6-C5-N7	3.45	136.19	132.43
2	2	1426	2MG	C4-C5-N7	-3.38	105.31	110.67
2	2	1426	2MG	N9-C4-N3	3.35	132.66	125.95
1	1	10	2MG	C6-C5-N7	3.23	136.17	130.29
2	2	1637	5MC	C5-C4-N3	-3.21	118.46	121.75
1	1	26	M2G	C6-C5-N7	3.19	136.09	130.29
1	1	49	5MC	C5-C4-N3	-3.19	118.49	121.75
1	1	46	7MG	O4'-C1'-N9	3.09	113.50	109.30
2	2	1780	MA6	C10-N6-C9	-3.01	106.53	116.18

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
2	2	1289	PSU	O2-C2-N1	-2.98	119.71	122.79
1	1	46	7MG	C5-C6-N1	2.94	116.11	110.94
2	2	465	PSU	C6-C5-C4	-2.94	116.19	118.17
1	1	49	5MC	O2-C2-N3	-2.93	117.70	122.33
2	2	766	PSU	C3'-C2'-C1'	2.92	105.13	101.69
2	2	1780	MA6	N1-C6-N6	2.86	120.34	116.86
1	1	16	H2U	C5-C4-N3	2.83	119.70	116.69
2	2	1573	7MG	C5-C6-N1	2.83	115.92	110.94
1	1	48	5MC	O2-C2-N3	-2.83	117.87	122.33
1	1	37	T6A	O10-C10-N6	-2.83	118.61	123.64
1	1	37	T6A	C4-N9-C8	2.78	108.66	105.74
2	2	1637	5MC	O2-C2-N3	-2.78	117.95	122.33
2	2	998	PSU	C6-C5-C4	-2.77	116.31	118.17
1	1	9	1MG	C6-C5-N7	2.75	135.48	129.36
2	2	1006	5MC	O2-C2-N3	-2.70	118.07	122.33
2	2	1570	2MG	C4-C5-N7	-2.70	106.40	110.67
1	1	47	H2U	C5-C4-N3	2.69	119.55	116.69
2	2	1426	2MG	CM2-N2-C2	2.66	129.37	123.65
1	1	37	T6A	C5-N7-C8	2.65	107.62	103.45
1	1	9	1MG	N2-C2-N1	2.63	120.90	118.79
1	1	10	2MG	C4-C5-N7	-2.63	106.50	110.67
1	1	48	5MC	C5-C4-N3	-2.63	119.06	121.75
1	1	9	1MG	C4-C5-N7	-2.62	106.52	110.67
1	1	37	T6A	C14-C12-N11	2.61	118.64	111.70
2	2	1426	2MG	O6-C6-C5	-2.61	119.64	126.53
2	2	120	PSU	C6-C5-C4	-2.59	116.43	118.17
1	1	47	H2U	C3'-C2'-C1'	2.56	106.31	101.46
2	2	1426	2MG	C2-N1-C6	-2.55	121.46	124.55
2	2	1637	5MC	O4'-C1'-N1	2.55	114.13	108.36
1	1	58	1MA	C3'-C2'-C1'	2.54	106.27	101.46
1	1	58	1MA	C4-C5-N7	-2.53	106.66	110.67
1	1	26	M2G	C4-C5-N7	-2.49	106.72	110.67
1	1	48	5MC	C5-C6-N1	-2.48	120.62	123.31
2	2	1780	MA6	C5-N7-C8	2.45	107.31	103.45
2	2	766	PSU	C6-C5-C4	-2.42	116.54	118.17
1	1	26	M2G	O6-C6-C5	-2.42	120.15	126.53
2	2	1006	5MC	C5-C6-N1	-2.38	120.73	123.31
2	2	465	PSU	O2-C2-N1	-2.38	120.33	122.79
2	2	1780	MA6	C6-C5-N7	2.38	137.23	133.43
2	2	1570	2MG	N1-C2-N2	2.37	118.98	116.56
2	2	1637	5MC	C5-C6-N1	-2.34	120.77	123.31
2	2	120	PSU	C3'-C2'-C1'	2.34	104.45	101.69

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	1	47	H2U	C5-C6-N1	-2.34	104.45	111.52
2	2	465	PSU	O2-C2-N3	-2.28	117.80	121.86
1	1	49	5MC	C3'-C2'-C1'	2.25	105.72	101.46
1	1	49	5MC	O4'-C1'-N1	2.24	113.44	108.36
1	1	37	T6A	C2-N1-C6	2.24	122.67	115.24
1	1	9	1MG	O4'-C1'-N9	2.22	113.40	108.36
2	2	1637	5MC	N1-C2-N3	2.21	122.64	118.80
2	2	1570	2MG	O6-C6-C5	-2.21	120.69	126.53
2	2	1006	5MC	C2'-C1'-N1	-2.20	107.11	113.25
2	2	1426	2MG	C5-C6-N1	2.20	118.85	113.25
2	2	1637	5MC	CM5-C5-C6	-2.16	119.93	122.85
1	1	48	5MC	CM5-C5-C6	-2.16	119.93	122.85
1	1	37	T6A	N6-C10-N11	2.14	116.72	113.77
1	1	16	H2U	C3'-C2'-C1'	2.12	105.48	101.46
1	1	10	2MG	O6-C6-C5	-2.10	120.98	126.53
1	1	37	T6A	O4'-C1'-N9	2.10	112.12	108.09
5	B	2	AYA	O-C-CA	-2.09	117.42	123.94
1	1	37	T6A	N9-C8-N7	-2.07	111.00	113.94
2	2	1780	MA6	C2'-C1'-N9	-2.06	108.20	113.30
1	1	49	5MC	CM5-C5-C6	-2.05	120.08	122.85
2	2	1289	PSU	O2-C2-N3	-2.05	118.22	121.86
1	1	37	T6A	N6-C6-N1	2.04	122.81	117.54
2	2	1570	2MG	C2'-C3'-C4'	2.03	106.53	102.61
2	2	1006	5MC	N4-C4-N3	2.01	122.15	118.51
1	1	9	1MG	O6-C6-C5	-2.01	119.41	124.59

All (1) chirality outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atom
2	2	1190	C4J	C4'

All (44) torsion outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms
2	2	1780	MA6	O4'-C4'-C5'-O5'
2	2	1780	MA6	C5-C6-N6-C9
2	2	1780	MA6	N1-C6-N6-C9
1	1	9	1MG	O4'-C4'-C5'-O5'
1	1	9	1MG	C3'-C4'-C5'-O5'
1	1	16	H2U	C4'-C5'-O5'-P
1	1	26	M2G	N1-C2-N2-CM1
1	1	26	M2G	N3-C2-N2-CM1

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms
1	1	26	M2G	N3-C2-N2-CM2
1	1	37	T6A	C14-C12-N11-C10
1	1	47	H2U	C4'-C5'-O5'-P
1	1	47	H2U	O4'-C1'-N1-C6
1	1	48	5MC	C4'-C5'-O5'-P
1	1	64	RIA	C3'-C4'-C5'-O5'
1	1	10	2MG	O4'-C4'-C5'-O5'
1	1	26	M2G	C3'-C4'-C5'-O5'
1	1	47	H2U	C3'-C4'-C5'-O5'
2	2	1780	MA6	C3'-C4'-C5'-O5'
1	1	26	M2G	O4'-C4'-C5'-O5'
1	1	64	RIA	O1'-C4'-C5'-O5'
1	1	48	5MC	O4'-C4'-C5'-O5'
1	1	48	5MC	C3'-C4'-C5'-O5'
1	1	37	T6A	C14-C12-C13-ODB
1	1	10	2MG	C3'-C4'-C5'-O5'
1	1	47	H2U	O4'-C4'-C5'-O5'
2	2	1780	MA6	C5-C6-N6-C10
2	2	1426	2MG	O4'-C4'-C5'-O5'
2	2	1573	7MG	O4'-C4'-C5'-O5'
2	2	1573	7MG	C3'-C4'-C5'-O5'
1	1	37	T6A	C14-C12-C13-ODA
1	1	26	M2G	N1-C2-N2-CM2
1	1	47	H2U	O4'-C1'-N1-C2
1	1	37	T6A	N11-C12-C13-ODA
1	1	37	T6A	N11-C12-C13-ODB
1	1	37	T6A	O4'-C4'-C5'-O5'
1	1	46	7MG	C4'-C5'-O5'-P
1	1	64	RIA	C4A-C5A-O5A-P
2	2	1780	MA6	C4'-C5'-O5'-P
1	1	49	5MC	O4'-C4'-C5'-O5'
2	2	1426	2MG	C4'-C5'-O5'-P
1	1	37	T6A	C13-C12-N11-C10
1	1	37	T6A	C13-C12-C14-C15
2	2	1637	5MC	O4'-C4'-C5'-O5'
2	2	1190	C4J	N3-C3-C31-C32

There are no ring outliers.

7 monomers are involved in 11 short contacts:

Mol	Chain	Res	Type	Clashes	Symm-Clashes
2	2	120	PSU	1	0

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Clashes	Symm-Clashes
2	2	1426	2MG	3	0
2	2	1637	5MC	2	0
1	1	9	1MG	1	0
2	2	1289	PSU	1	0
2	2	1006	5MC	2	0
2	2	1780	MA6	1	0

5.5 Carbohydrates [i](#)

There are no oligosaccharides in this entry.

5.6 Ligand geometry [i](#)

Of 124 ligands modelled in this entry, 122 are monoatomic - leaving 2 for Mogul analysis.

In the following table, the Counts columns list the number of bonds (or angles) for which Mogul statistics could be retrieved, the number of bonds (or angles) that are observed in the model and the number of bonds (or angles) that are defined in the Chemical Component Dictionary. The Link column lists molecule types, if any, to which the group is linked. 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 $|Z| > 2$ is considered an outlier worth inspection. RMSZ is the root-mean-square of all Z scores of the bond lengths (or angles).

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	$\# Z > 2$	Counts	RMSZ	$\# Z > 2$
50	MET	k	601	-	6,7,8	0.48	0	2,7,9	0.24	0
51	GCP	k	603	-	32,34,34	1.78	8 (25%)	49,54,54	1.85	8 (16%)

In the following table, the Chirals column lists the number of chiral outliers, the number of chiral centers analysed, the number of these observed in the model and the number defined in the Chemical Component Dictionary. Similar counts are reported in the Torsion and Rings columns. '-' means no outliers of that kind were identified.

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
50	MET	k	601	-	-	1/5/6/8	-
51	GCP	k	603	-	-	2/19/38/38	0/3/3/3

All (8) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
51	k	603	GCP	PG-O1G	5.57	1.61	1.50

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
51	k	603	GCP	C5-C4	3.40	1.48	1.38
51	k	603	GCP	PB-O3A	2.90	1.61	1.58
51	k	603	GCP	PG-O2G	2.88	1.61	1.55
51	k	603	GCP	PG-O3G	-2.87	1.48	1.55
51	k	603	GCP	C5-N7	-2.09	1.34	1.39
51	k	603	GCP	C6-N1	-2.08	1.35	1.38
51	k	603	GCP	PB-O2B	2.08	1.61	1.56

All (8) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
51	k	603	GCP	C5-C4-N3	-6.41	118.18	128.39
51	k	603	GCP	C2-N3-C4	5.32	121.47	112.30
51	k	603	GCP	N9-C4-N3	4.74	135.42	125.95
51	k	603	GCP	PB-O3A-PA	-3.78	120.02	132.37
51	k	603	GCP	C6-C5-N7	3.14	136.01	130.29
51	k	603	GCP	C4-C5-N7	-2.55	106.63	110.67
51	k	603	GCP	C3'-C2'-C1'	2.49	106.17	101.46
51	k	603	GCP	O6-C6-C5	-2.12	120.93	126.53

There are no chirality outliers.

All (3) torsion outliers are listed below:

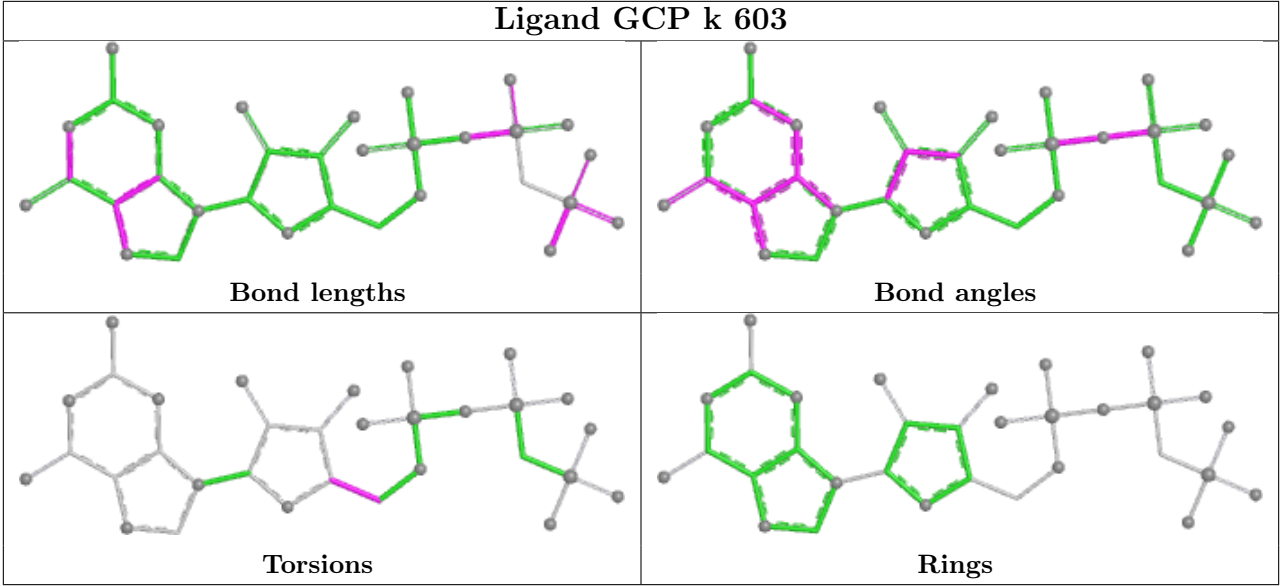
Mol	Chain	Res	Type	Atoms
51	k	603	GCP	C3'-C4'-C5'-O5'
50	k	601	MET	CA-CB-CG-SD
51	k	603	GCP	O4'-C4'-C5'-O5'

There are no ring outliers.

No monomer is involved in short contacts.

The following is a two-dimensional graphical depiction of Mogul quality analysis of bond lengths, bond angles, torsion angles, and ring geometry for all instances of the Ligand of Interest. In addition, ligands with molecular weight > 250 and outliers as shown on the validation Tables will also be included. For torsion angles, if less than 5% of the Mogul distribution of torsion angles is within 10 degrees of the torsion angle in question, then that torsion angle is considered an outlier. Any bond that is central to one or more torsion angles identified as an outlier by Mogul will be highlighted in the graph. For rings, the root-mean-square deviation (RMSD) between the ring in question and similar rings identified by Mogul is calculated over all ring torsion angles. If the average RMSD is greater than 60 degrees and the minimal RMSD between the ring in question and any Mogul-identified rings is also greater than 60 degrees, then that ring is considered an outlier. The outliers are highlighted in purple. The color gray indicates Mogul did not find sufficient

equivalents in the CSD to analyse the geometry.



5.7 Other polymers ⓘ

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues ⓘ

The following chains have linkage breaks:

Mol	Chain	Number of breaks
45	q	8
5	B	1
1	1	1
2	2	1
44	p	1
40	k	1

All chain breaks are listed below:

Model	Chain	Residue-1	Atom-1	Residue-2	Atom-2	Distance (Å)
1	q	214:UNK	C	251:GLN	N	50.14
1	q	158:UNK	C	166:UNK	N	16.53
1	q	181:UNK	C	190:UNK	N	14.08
1	q	135:UNK	C	139:UNK	N	7.77
1	q	203:UNK	C	207:UNK	N	7.01
1	B	2:AYA	C	3:VAL	N	5.75
1	q	582:GLN	C	583:GLN	N	5.28

Continued on next page...

Continued from previous page...

Model	Chain	Residue-1	Atom-1	Residue-2	Atom-2	Distance (Å)
1	1	16:H2U	O3'	18:G	P	5.01
1	2	224:A	O3'	225:A	P	4.79
1	q	605:CYS	C	606:LEU	N	4.63
1	q	148:UNK	C	150:UNK	N	3.74
1	p	688:GLU	C	689:GLU	N	3.73
1	k	372:PRO	C	373:ILE	N	3.59

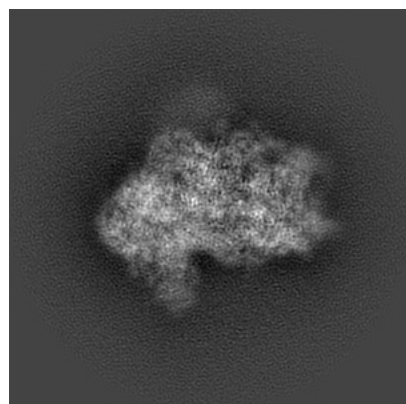
6 Map visualisation [i](#)

This section contains visualisations of the EMDB entry EMD-4327. These allow visual inspection of the internal detail of the map and identification of artifacts.

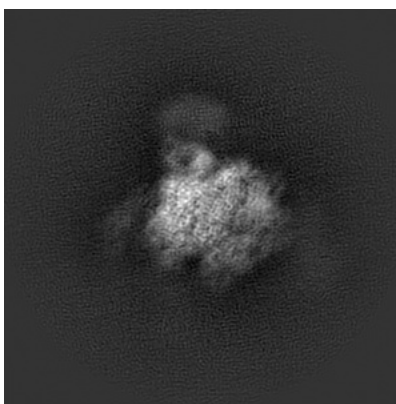
Images derived from a raw map, generated by summing the deposited half-maps, are presented below the corresponding image components of the primary map to allow further visual inspection and comparison with those of the primary map.

6.1 Orthogonal projections [i](#)

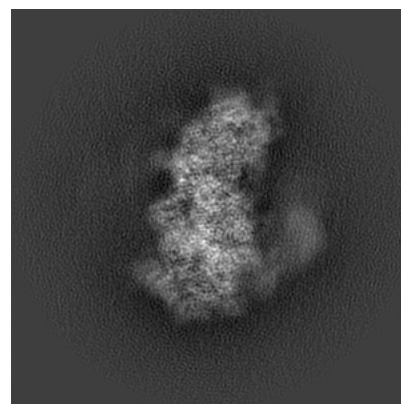
6.1.1 Primary map



X

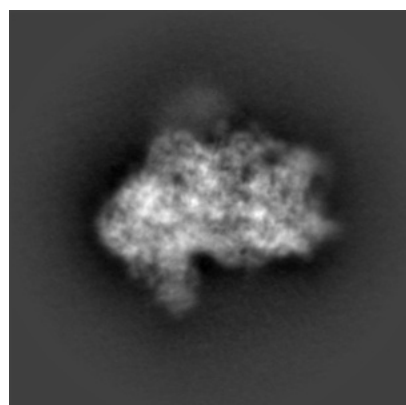


Y

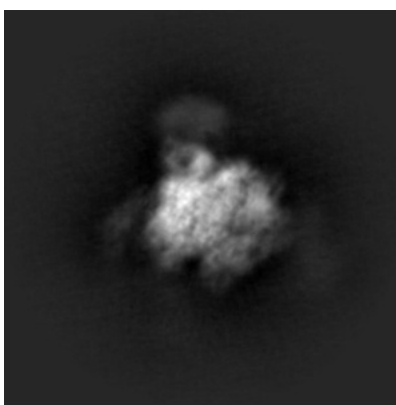


Z

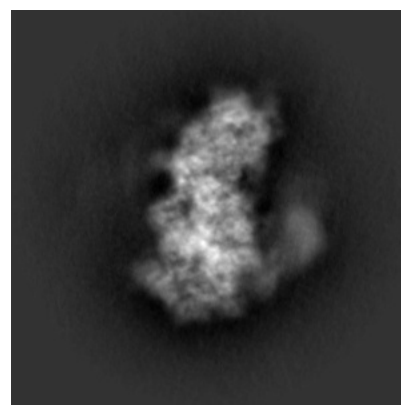
6.1.2 Raw map



X



Y

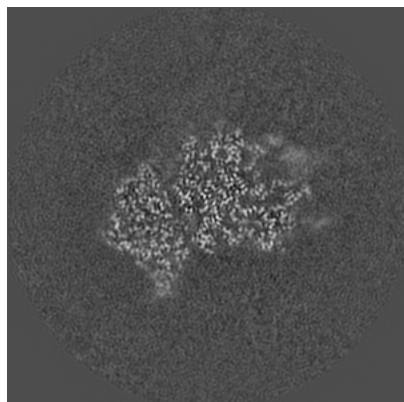


Z

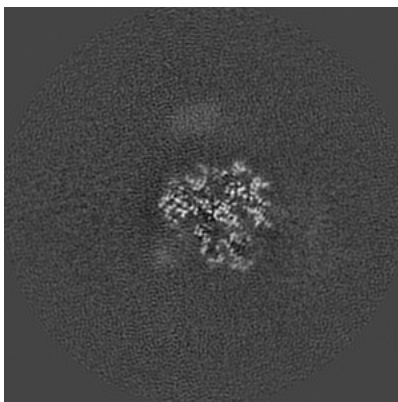
The images above show the map projected in three orthogonal directions.

6.2 Central slices [i](#)

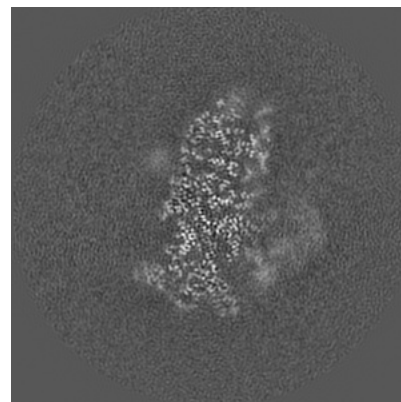
6.2.1 Primary map



X Index: 150

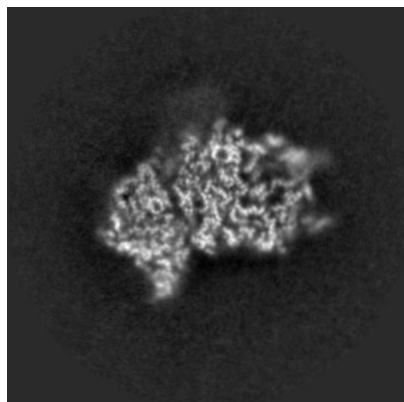


Y Index: 150

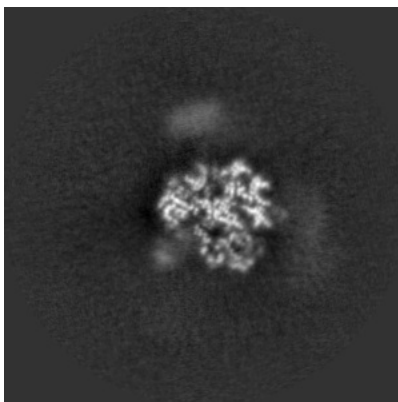


Z Index: 150

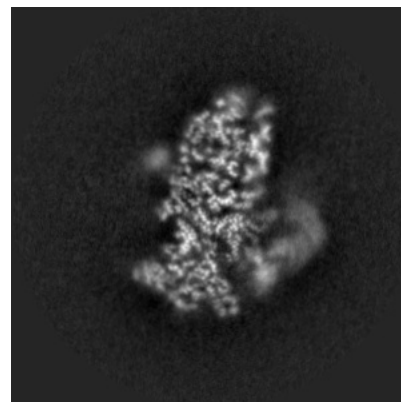
6.2.2 Raw map



X Index: 150



Y Index: 150

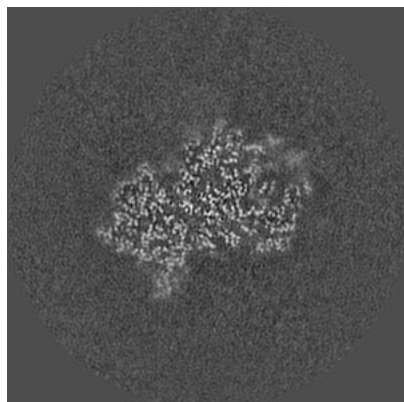


Z Index: 150

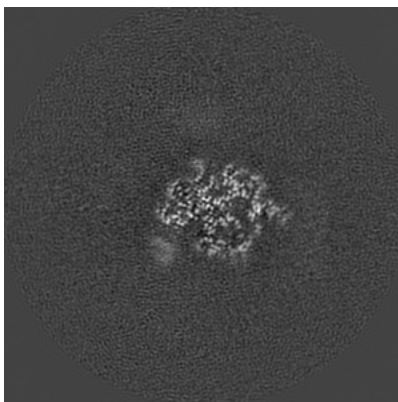
The images above show central slices of the map in three orthogonal directions.

6.3 Largest variance slices [i](#)

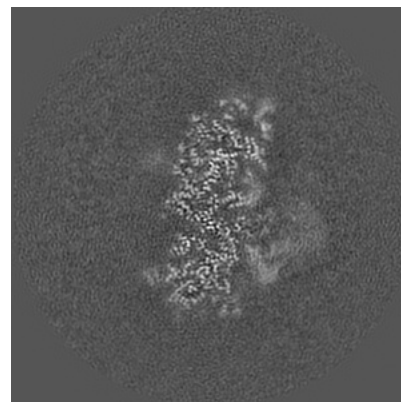
6.3.1 Primary map



X Index: 148

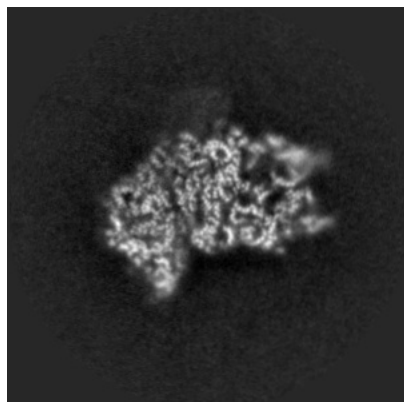


Y Index: 155

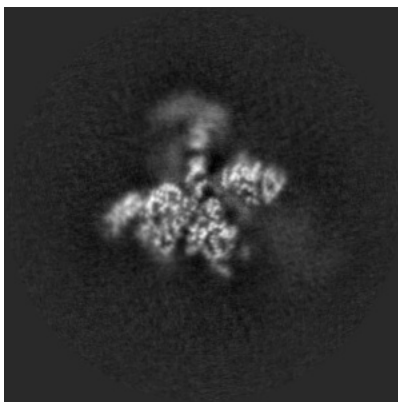


Z Index: 147

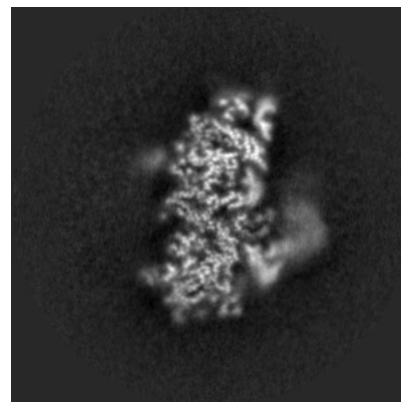
6.3.2 Raw map



X Index: 152



Y Index: 118

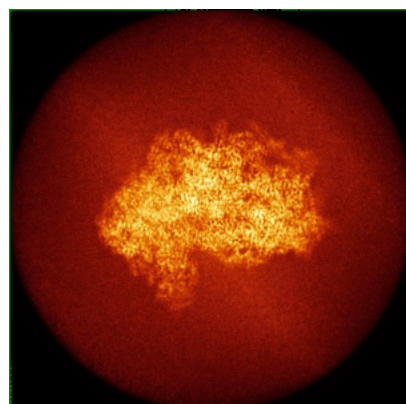


Z Index: 146

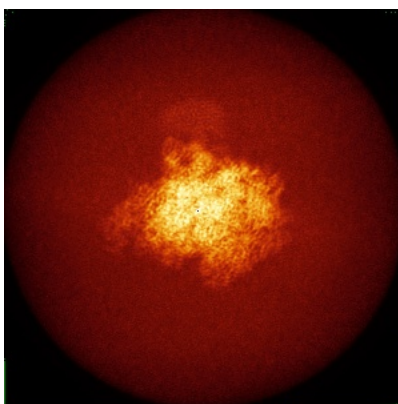
The images above show the largest variance slices of the map in three orthogonal directions.

6.4 Orthogonal standard-deviation projections (False-color) [i](#)

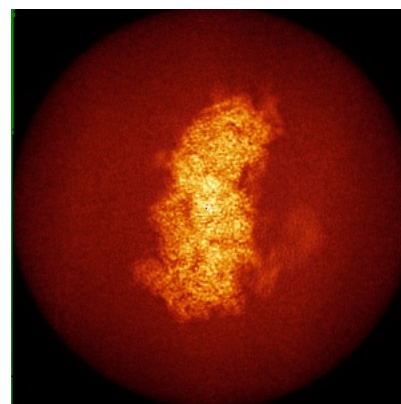
6.4.1 Primary map



X

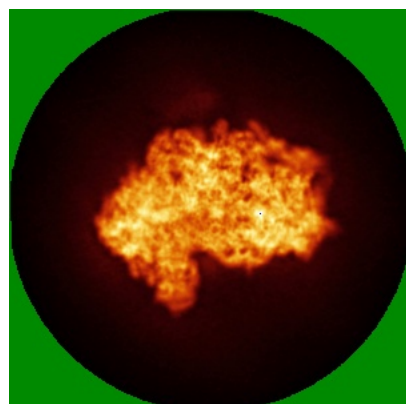


Y

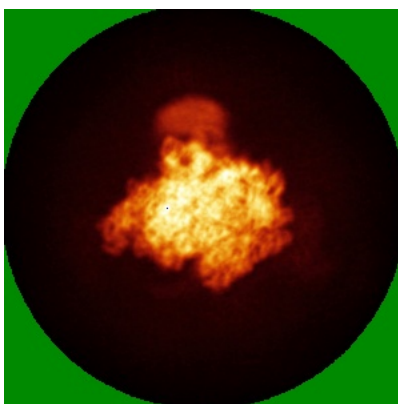


Z

6.4.2 Raw map



X



Y

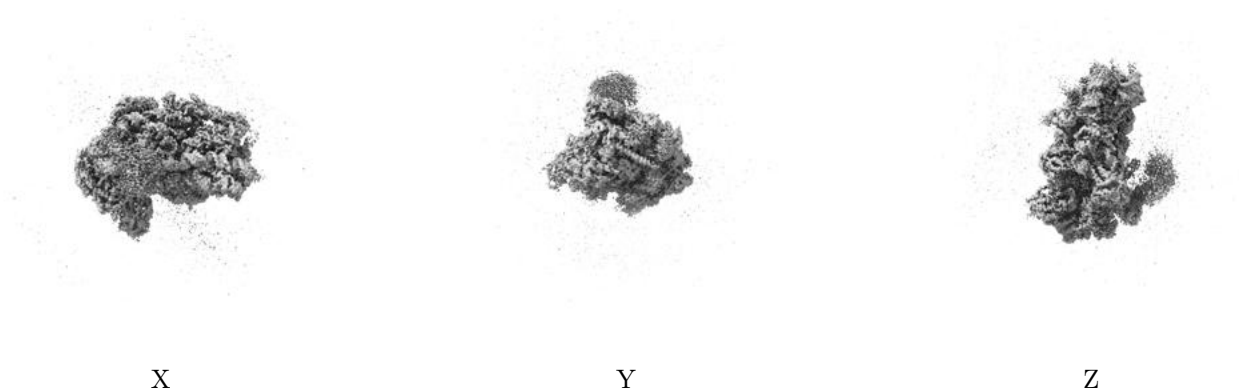


Z

The images above show the map standard deviation projections with false color in three orthogonal directions. Minimum values are shown in green, max in blue, and dark to light orange shades represent small to large values respectively.

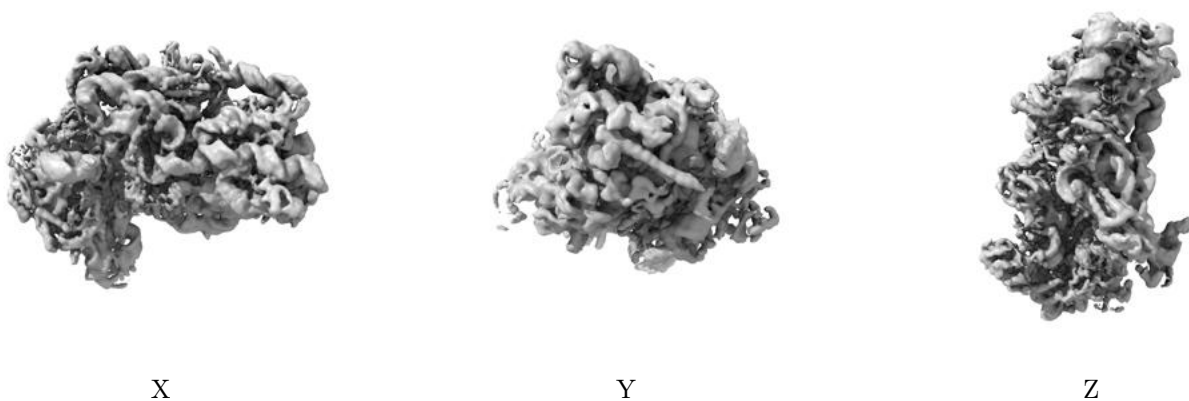
6.5 Orthogonal surface views [i](#)

6.5.1 Primary map



The images above show the 3D surface view of the map at the recommended contour level 0.08. These images, in conjunction with the slice images, may facilitate assessment of whether an appropriate contour level has been provided.

6.5.2 Raw map



These images show the 3D surface of the raw map. The raw map's contour level was selected so that its surface encloses the same volume as the primary map does at its recommended contour level.

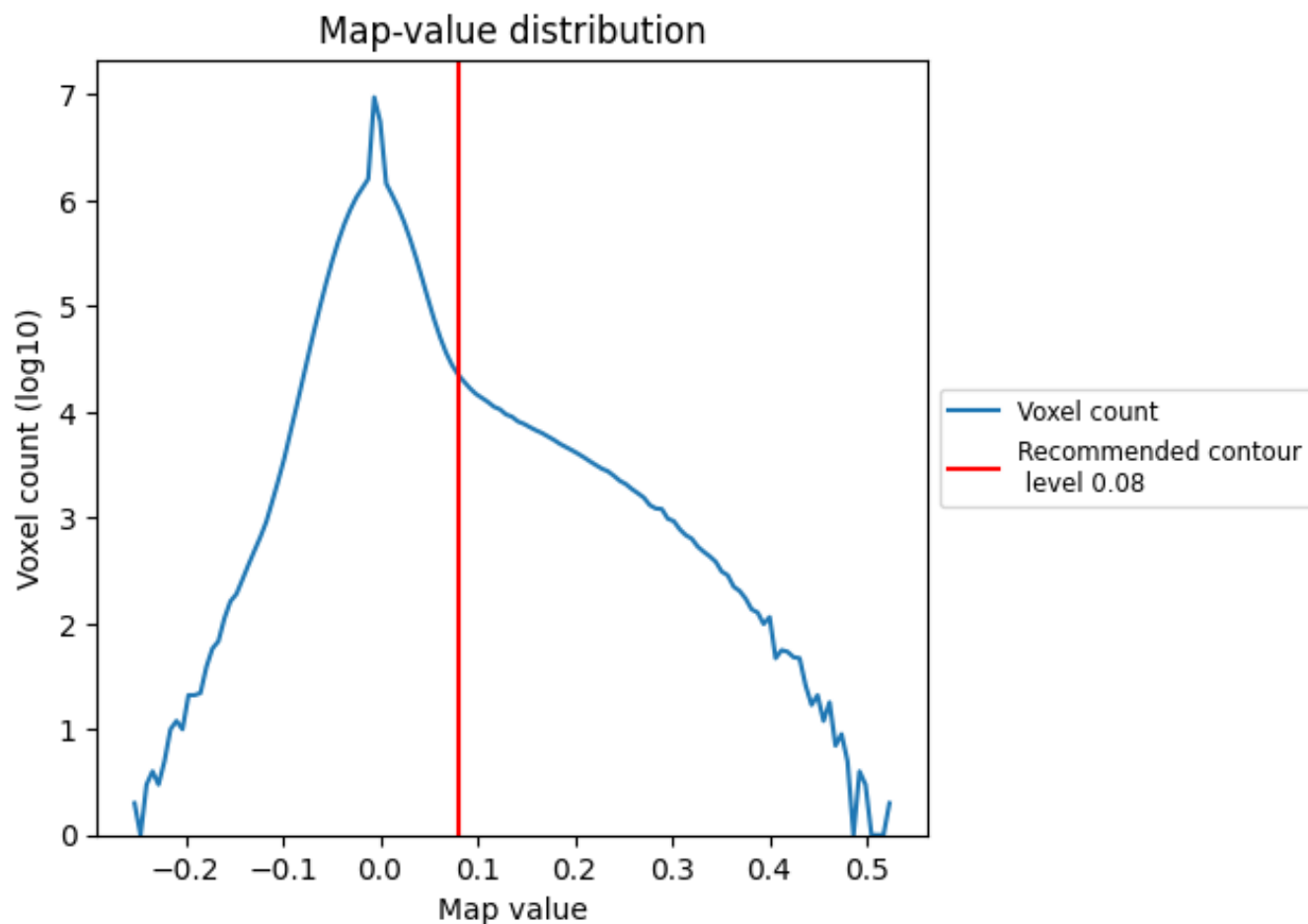
6.6 Mask visualisation [i](#)

This section was not generated. No masks/segmentation were deposited.

7 Map analysis [i](#)

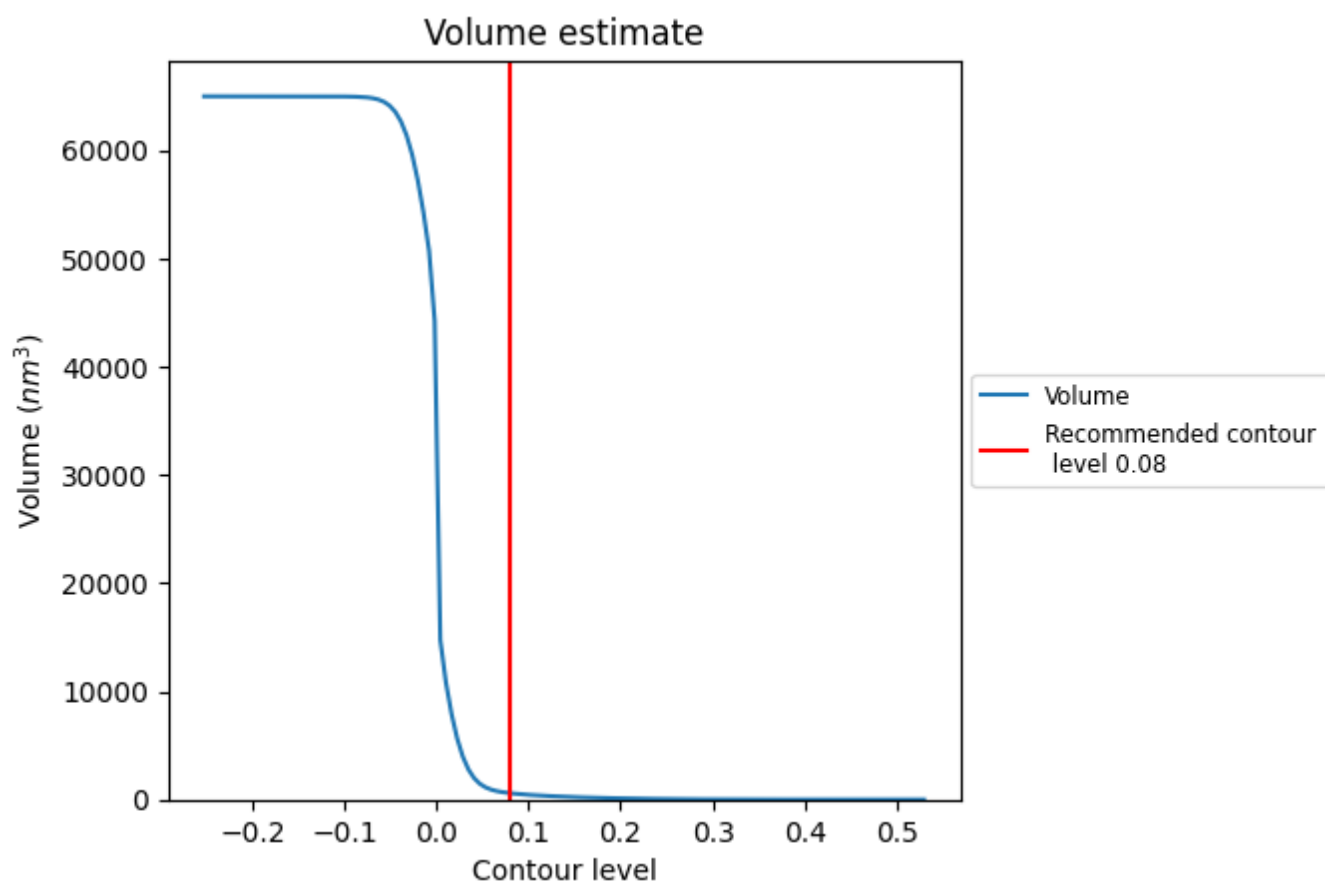
This section contains the results of statistical analysis of the map.

7.1 Map-value distribution [i](#)



The map-value distribution is plotted in 128 intervals along the x-axis. The y-axis is logarithmic. A spike in this graph at zero usually indicates that the volume has been masked.

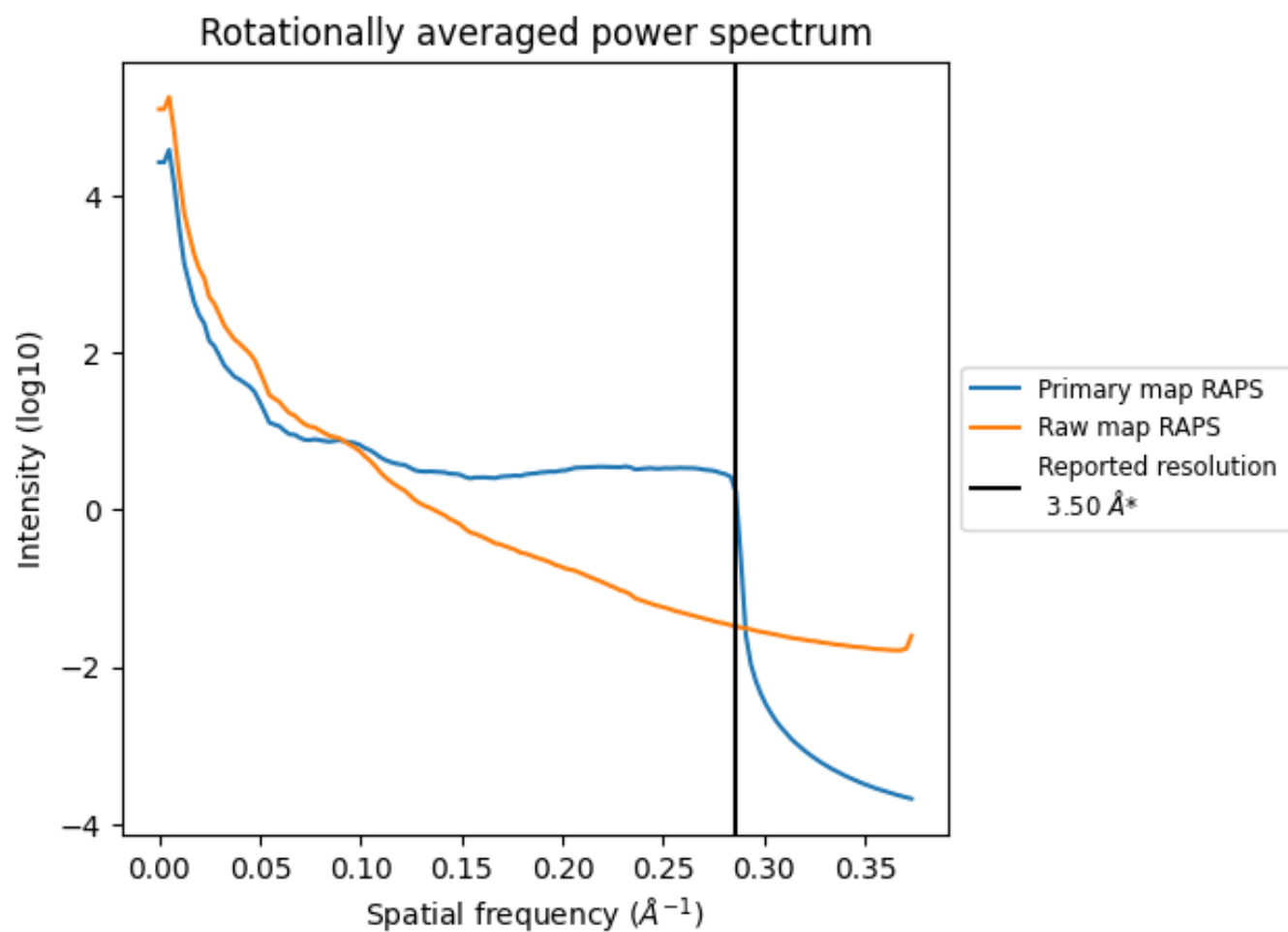
7.2 Volume estimate [i](#)



The volume at the recommended contour level is 591 nm³; this corresponds to an approximate mass of 534 kDa.

The volume estimate graph shows how the enclosed volume varies with the contour level. The recommended contour level is shown as a vertical line and the intersection between the line and the curve gives the volume of the enclosed surface at the given level.

7.3 Rotationally averaged power spectrum ⓘ

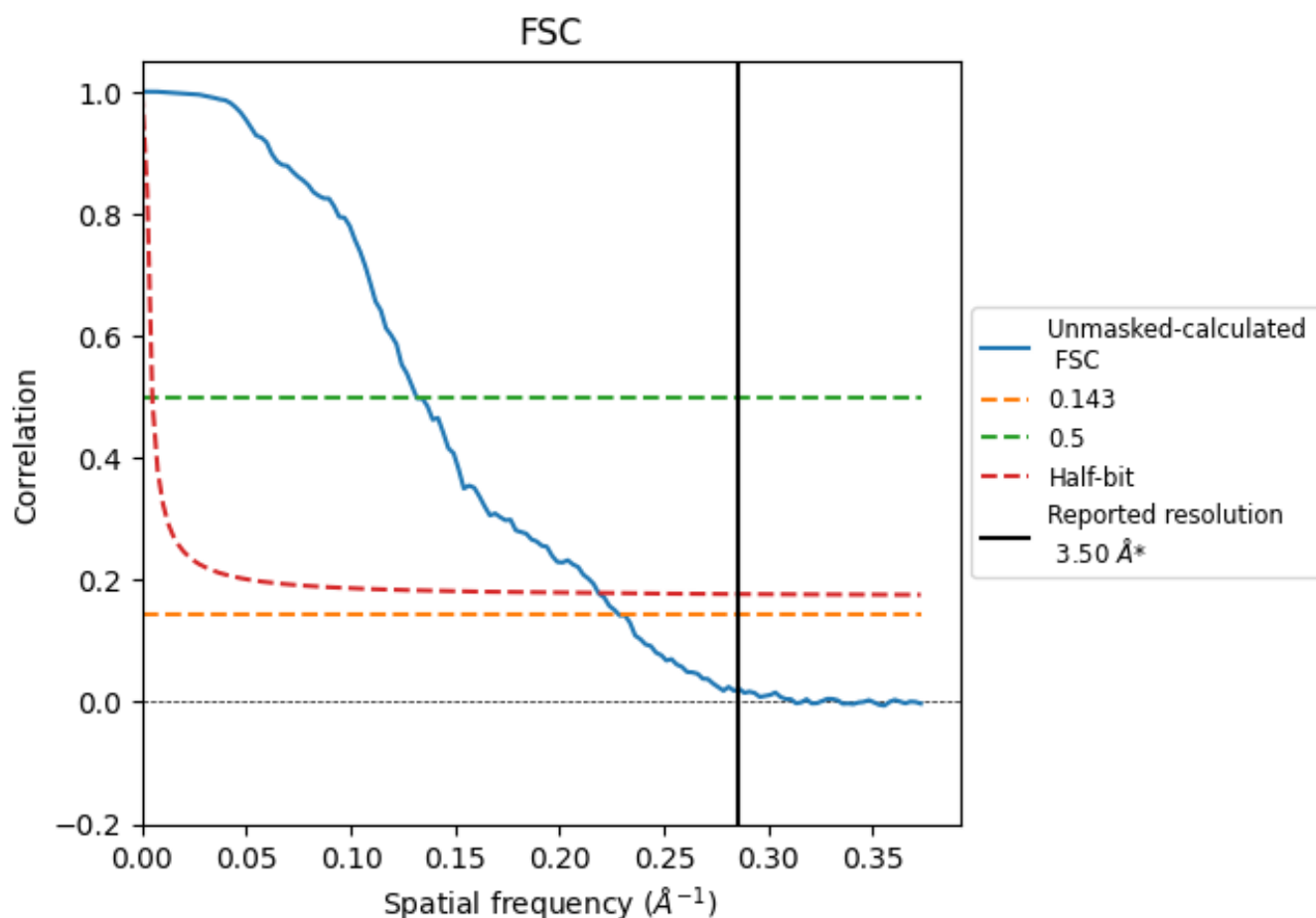


*Reported resolution corresponds to spatial frequency of $0.286 \text{ \AA}^{-1}$

8 Fourier-Shell correlation [i](#)

Fourier-Shell Correlation (FSC) is the most commonly used method to estimate the resolution of single-particle and subtomogram-averaged maps. The shape of the curve depends on the imposed symmetry, mask and whether or not the two 3D reconstructions used were processed from a common reference. The reported resolution is shown as a black line. A curve is displayed for the half-bit criterion in addition to lines showing the 0.143 gold standard cut-off and 0.5 cut-off.

8.1 FSC [i](#)



*Reported resolution corresponds to spatial frequency of 0.286 $\text{\AA}^{-1}$

8.2 Resolution estimates [i](#)

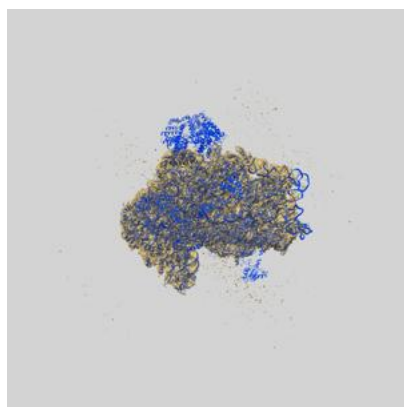
Resolution estimate (Å)	Estimation criterion (FSC cut-off)		
	0.143	0.5	Half-bit
Reported by author	3.50	-	-
Author-provided FSC curve	-	-	-
Unmasked-calculated*	4.38	7.60	4.57

*Resolution estimate based on FSC curve calculated by comparison of deposited half-maps. The value from deposited half-maps intersecting FSC 0.143 CUT-OFF 4.38 differs from the reported value 3.5 by more than 10 %

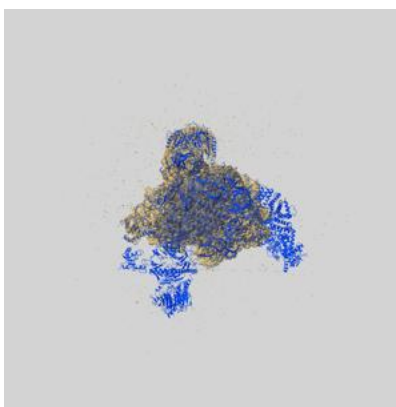
9 Map-model fit [i](#)

This section contains information regarding the fit between EMDB map EMD-4327 and PDB model 6FYX. Per-residue inclusion information can be found in section 3 on page 14.

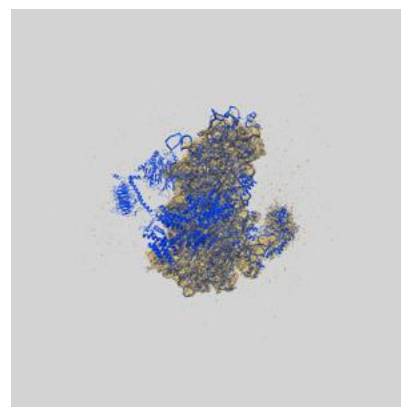
9.1 Map-model overlay [i](#)



X



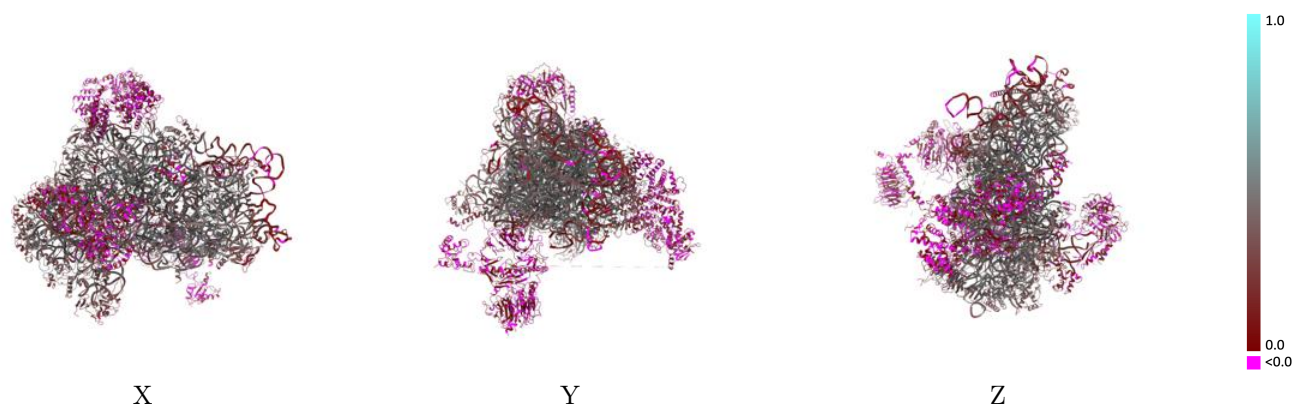
Y



Z

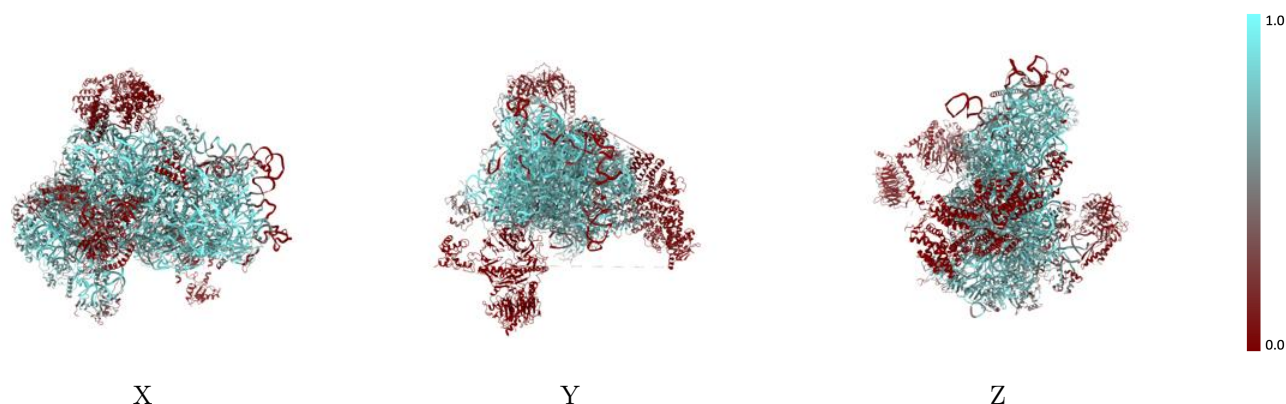
The images above show the 3D surface view of the map at the recommended contour level 0.08 at 50% transparency in yellow overlaid with a ribbon representation of the model coloured in blue. These images allow for the visual assessment of the quality of fit between the atomic model and the map.

9.2 Q-score mapped to coordinate model [i](#)



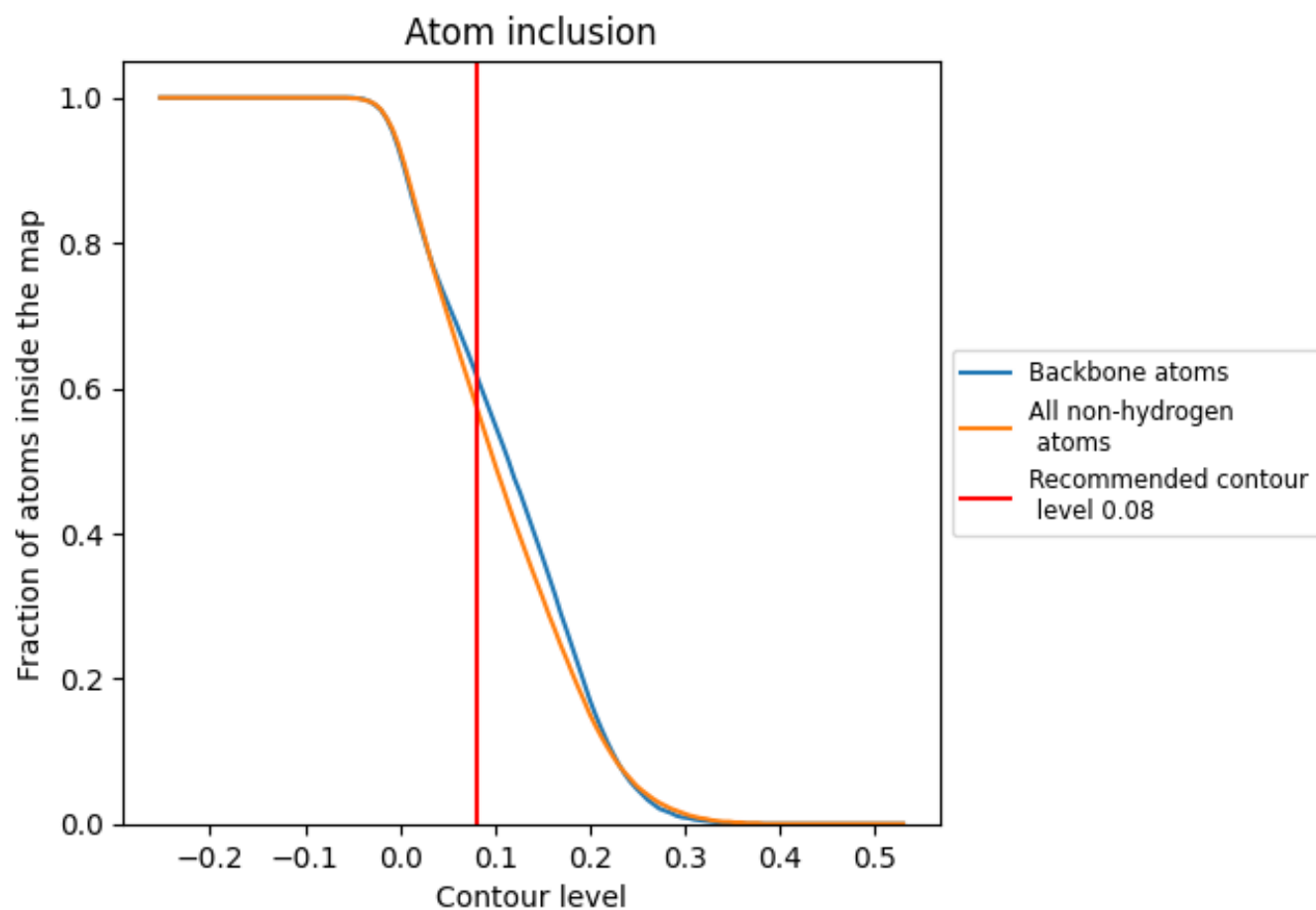
The images above show the model with each residue coloured according to its Q-score. This shows their resolvability in the map with higher Q-score values reflecting better resolvability. Please note: Q-score is calculating the resolvability of atoms, and thus high values are only expected at resolutions at which atoms can be resolved. Low Q-score values may therefore be expected for many entries.

9.3 Atom inclusion mapped to coordinate model [i](#)



The images above show the model with each residue coloured according to its atom inclusion. This shows to what extent they are inside the map at the recommended contour level (0.08).

9.4 Atom inclusion [i](#)



At the recommended contour level, 62% of all backbone atoms, 57% of all non-hydrogen atoms, are inside the map.

9.5 Map-model fit summary ⓘ

The table lists the average atom inclusion at the recommended contour level (0.08) and Q-score for the entire model and for each chain.

Chain	Atom inclusion	Q-score
All	 0.5750	 0.3140
1	 0.6260	 0.2070
2	 0.8260	 0.3910
3	 0.2860	 0.2260
A	 0.6850	 0.3970
B	 0.6600	 0.3820
C	 0.7110	 0.4370
D	 0.6450	 0.3920
E	 0.7350	 0.4360
F	 0.6590	 0.3960
G	 0.6600	 0.3450
H	 0.5930	 0.3470
I	 0.6910	 0.3940
J	 0.7290	 0.4200
K	 0.6540	 0.3660
L	 0.6470	 0.4070
M	 0.3170	 0.2200
N	 0.7210	 0.4040
O	 0.7130	 0.4260
P	 0.6820	 0.3670
Q	 0.7200	 0.4180
R	 0.6100	 0.3730
S	 0.6540	 0.3720
T	 0.7270	 0.4040
U	 0.6080	 0.3650
V	 0.7180	 0.4140
W	 0.7260	 0.4480
X	 0.7220	 0.4590
Y	 0.7290	 0.4070
Z	 0.4140	 0.2950
a	 0.7010	 0.4390
b	 0.6580	 0.4070
c	 0.6450	 0.4130
d	 0.7130	 0.4440
e	 0.6570	 0.3870



Continued on next page...

Continued from previous page...

Chain	Atom inclusion	Q-score
f	 0.4470	 0.2390
g	 0.6280	 0.3460
h	 0.2830	 0.2980
i	 0.5470	 0.3730
j	 0.2620	 0.1550
k	 0.0770	 0.0880
l	 0.0160	 0.0780
m	 0.2830	 0.3090
o	 0.0000	 0.0470
p	 0.0000	 0.0640
q	 0.0000	 0.0620
r	 0.0000	 0.0790
s	 0.0000	 0.0590