



wwPDB EM Validation Summary Report ⓘ

Mar 28, 2026 – 07:49 PM UTC

PDB ID : 5WVI / pdb_00005wvi
EMDB ID : EMD-6693
Title : The resting state of yeast proteasome
Authors : Ding, Z.; Cong, Y.
Deposited on : 2016-12-25
Resolution : 6.30 Å(reported)

This is a wwPDB EM Validation Summary 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
MolProbity : 4-5-2 with Phenix2.0
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

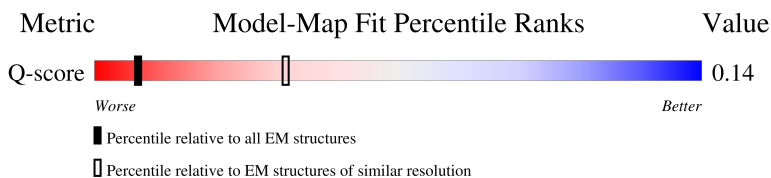
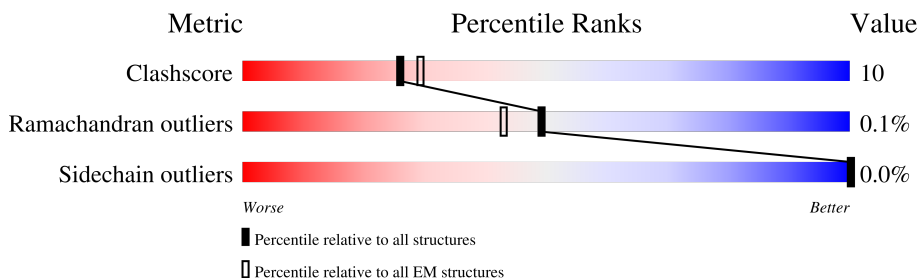
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

ELECTRON MICROSCOPY

The reported resolution of this entry is 6.30 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	-
Q-score	-	25397	550 (5.80 - 6.80)

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	I	437	
2	K	428	
3	2	261	
3	i	261	

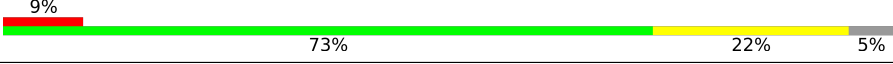
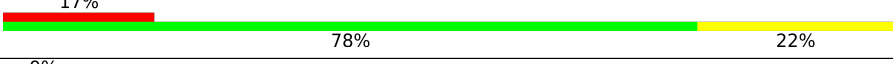
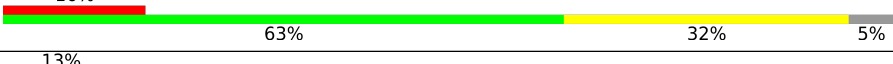
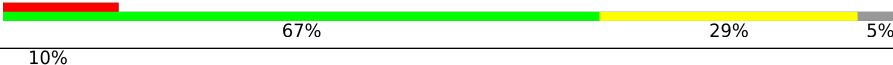
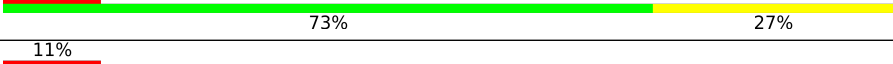
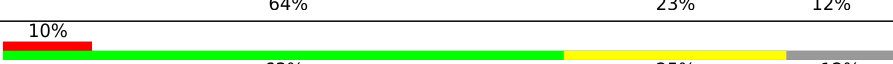
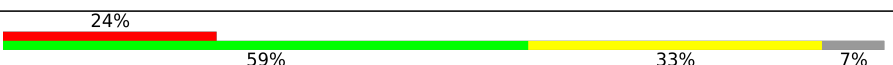
Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
4	A	252	
4	c	252	
5	3	205	
5	h	205	
6	G	288	
6	k	288	
7	F	234	
7	l	234	
8	E	260	
8	m	260	
9	D	254	
9	n	254	
10	Y	89	
11	N	945	
12	S	523	
13	T	274	
14	R	429	
15	Q	434	
16	J	405	
17	L	437	
18	M	434	
19	U	338	
20	W	268	
21	O	393	
22	P	445	

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
23	H	467	
24	C	258	
24	d	258	
25	B	250	
25	j	250	
26	1	215	
26	b	215	
27	4	198	
27	g	198	
28	5	287	
28	f	287	
29	6	241	
29	e	241	
30	7	266	
30	a	266	
31	X	156	
32	Z	993	
33	V	306	

2 Entry composition

There are 33 unique types of molecules in this entry. The entry contains 105787 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 protein called 26S protease regulatory subunit 4 homolog.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
1	I	362	Total	C	N	O	S	0	0
			2822	1773	471	563	15		

- Molecule 2 is a protein called 26S protease regulatory subunit 6B homolog.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
2	K	381	Total	C	N	O	S	0	0
			3019	1898	530	581	10		

- Molecule 3 is a protein called Proteasome subunit beta type-2.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
3	i	222	Total	C	N	O	S	0	0
			1684	1061	293	323	7		
3	2	222	Total	C	N	O	S	0	0
			1684	1061	293	323	7		

- Molecule 4 is a protein called Proteasome subunit alpha type-1.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
4	c	243	Total	C	N	O	S	0	0
			1921	1221	322	370	8		
4	A	243	Total	C	N	O	S	0	0
			1921	1221	322	370	8		

- Molecule 5 is a protein called Proteasome subunit beta type-3.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
5	h	204	Total	C	N	O	S	0	0
			1581	1010	258	305	8		
5	3	204	Total	C	N	O	S	0	0
			1581	1010	258	305	8		

- Molecule 6 is a protein called Probable proteasome subunit alpha type-7.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
6	k	245	Total	C	N	O	S	0	0
			1900	1207	331	358	4		
6	G	245	Total	C	N	O	S	0	0
			1900	1207	331	358	4		

- Molecule 7 is a protein called Proteasome subunit alpha type-6.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
7	l	233	Total	C	N	O	S	0	0
			1795	1129	312	350	4		
7	F	233	Total	C	N	O	S	0	0
			1795	1129	312	350	4		

- Molecule 8 is a protein called Proteasome subunit alpha type-5.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
8	m	243	Total	C	N	O	S	0	0
			1867	1165	315	380	7		
8	E	243	Total	C	N	O	S	0	0
			1867	1165	315	380	7		

- Molecule 9 is a protein called Proteasome subunit alpha type-4.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
9	n	242	Total	C	N	O	S	0	0
			1899	1186	333	376	4		
9	D	242	Total	C	N	O	S	0	0
			1899	1186	333	376	4		

- Molecule 10 is a protein called 26S proteasome complex subunit SEM1.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
10	Y	27	Total	C	N	O	0	0
			236	143	39	54		

- Molecule 11 is a protein called 26S proteasome regulatory subunit RPN2.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
11	N	849	Total	C	N	O	S	0	0
			6562	4174	1099	1261	28		

- Molecule 12 is a protein called 26S proteasome regulatory subunit RPN3.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
12	S	353	Total	C	N	O	S	0	0
			2893	1857	482	541	13		

- Molecule 13 is a protein called 26S proteasome regulatory subunit RPN12.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
13	T	272	Total	C	N	O	S	0	0
			2235	1432	355	441	7		

- Molecule 14 is a protein called 26S proteasome regulatory subunit RPN7.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
14	R	400	Total	C	N	O	S	0	0
			3218	2051	527	630	10		

- Molecule 15 is a protein called 26S proteasome regulatory subunit RPN6.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
15	Q	431	Total	C	N	O	S	0	0
			3471	2205	574	676	16		

- Molecule 16 is a protein called 26S protease regulatory subunit 8 homolog.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
16	J	373	Total	C	N	O	S	0	0
			2928	1837	527	547	17		

- Molecule 17 is a protein called 26S protease subunit RPT4.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
17	L	361	Total	C	N	O	S	0	0
			2853	1798	507	536	12		

- Molecule 18 is a protein called 26S protease regulatory subunit 6A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
18	M	367	Total	C	N	O	S	0	0
			2866	1799	503	553	11		

- Molecule 19 is a protein called 26S proteasome regulatory subunit RPN8.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
19	U	282	Total	C	N	O	S	0	0
			2257	1429	387	435	6		

- Molecule 20 is a protein called 26S proteasome regulatory subunit RPN10.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
20	W	197	Total	C	N	O	S	0	0
			1534	962	269	300	3		

- Molecule 21 is a protein called 26S proteasome regulatory subunit RPN9.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
21	O	387	Total	C	N	O	S	0	0
			3182	2047	520	606	9		

- Molecule 22 is a protein called 26S proteasome regulatory subunit RPN5.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
22	P	432	Total	C	N	O	S	0	0
			3545	2260	592	684	9		

- Molecule 23 is a protein called 26S protease regulatory subunit 7 homolog.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
23	H	370	Total	C	N	O	S	0	0
			2889	1815	515	543	16		

- Molecule 24 is a protein called Proteasome subunit alpha type-3.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
24	C	245	Total	C	N	O	S	0	0
			1913	1207	323	380	3		
24	d	245	Total	C	N	O	S	0	0
			1913	1207	323	380	3		

- Molecule 25 is a protein called Proteasome subunit alpha type-2.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
25	B	250	Total	C	N	O	S	0	0
			1915	1219	315	377	4		
25	j	250	Total	C	N	O	S	0	0
			1915	1219	315	377	4		

- Molecule 26 is a protein called Proteasome subunit beta type-1.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
26	1	205	Total	C	N	O	S	0	0
			1576	996	261	312	7		
26	b	205	Total	C	N	O	S	0	0
			1574	995	261	311	7		

- Molecule 27 is a protein called Proteasome subunit beta type-4.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
27	4	198	Total	C	N	O	S	0	0
			1585	1005	269	305	6		
27	g	198	Total	C	N	O	S	0	0
			1585	1005	269	305	6		

- Molecule 28 is a protein called Proteasome subunit beta type-5.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
28	5	212	Total	C	N	O	S	0	0
			1644	1045	280	312	7		
28	f	212	Total	C	N	O	S	0	0
			1644	1045	280	312	7		

- Molecule 29 is a protein called Proteasome subunit beta type-6.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
29	6	222	Total	C	N	O	S	0	0
			1757	1115	303	335	4		
29	e	222	Total	C	N	O	S	0	0
			1757	1115	303	335	4		

- Molecule 30 is a protein called Proteasome subunit beta type-7.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
30	7	233	Total	C	N	O	S	0	0
			1824	1154	312	351	7		
30	a	233	Total	C	N	O	S	0	0
			1824	1154	312	351	7		

- Molecule 31 is a protein called 26S proteasome regulatory subunit RPN13.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
31	X	127	Total	C	N	O	S	0	0
			1032	664	169	195	4		

- Molecule 32 is a protein called 26S proteasome regulatory subunit RPN1.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
32	Z	813	Total	C	N	O	S	0	0
			6289	3995	1029	1236	29		

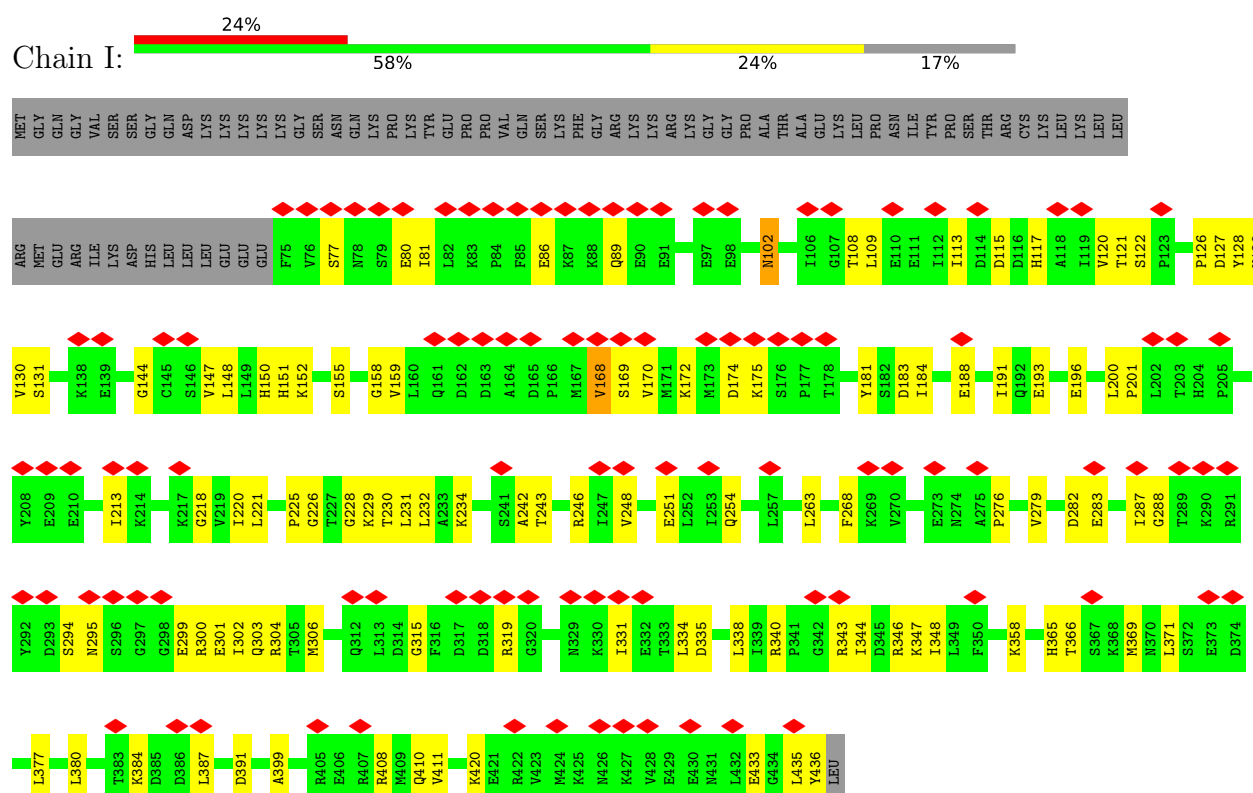
- Molecule 33 is a protein called Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase RPN11.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
33	V	284	Total	C	N	O	S	0	0
			2236	1405	381	436	14		

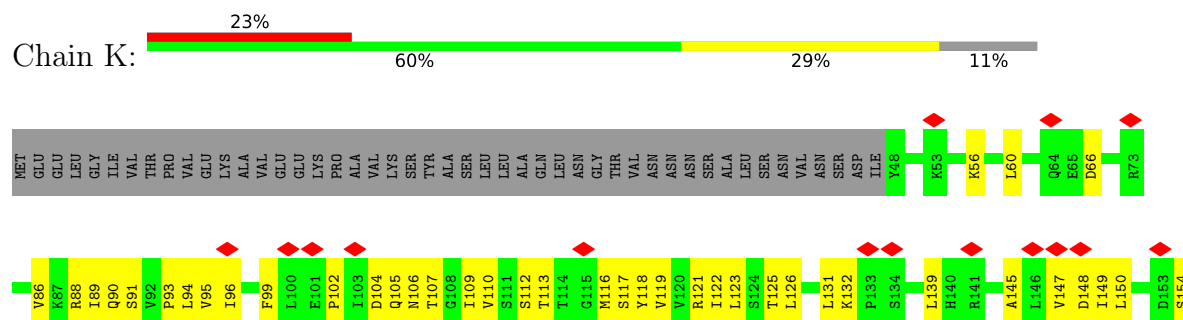
3 Residue-property plots [i](#)

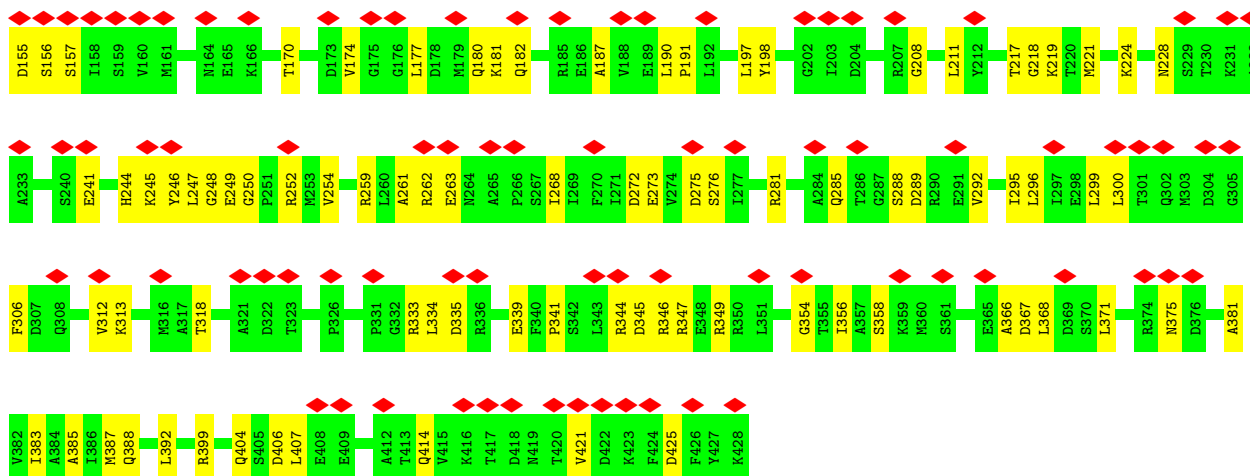
These plots are drawn for all protein, RNA, DNA and oligosaccharide chains in the entry. The first graphic for a chain summarises the proportions of the various outlier classes displayed in the second graphic. The second graphic shows the sequence view annotated by issues in geometry and atom inclusion in map density. Residues are color-coded according to the number of geometric quality criteria for which they contain at least one outlier: green = 0, yellow = 1, orange = 2 and red = 3 or more. A red diamond above a residue indicates a poor fit to the EM map for this residue (all-atom inclusion < 40%). Stretches of 2 or more consecutive residues without any outlier are shown as a green connector. Residues present in the sample, but not in the model, are shown in grey.

- Molecule 1: 26S protease regulatory subunit 4 homolog

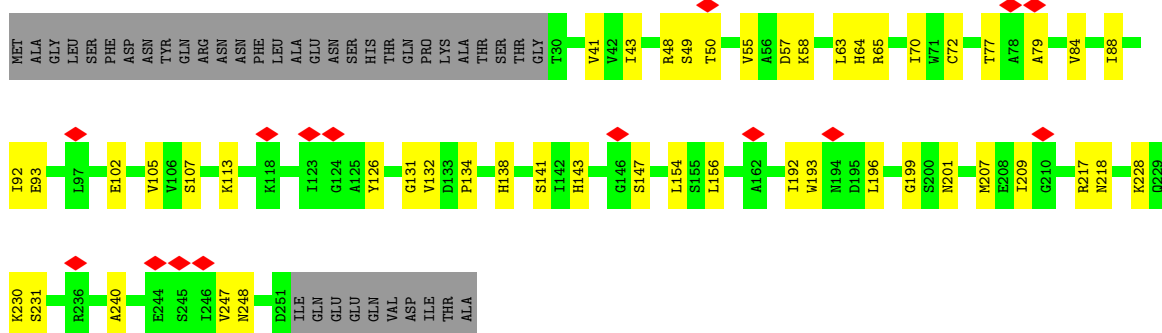


- Molecule 2: 26S protease regulatory subunit 6B homolog

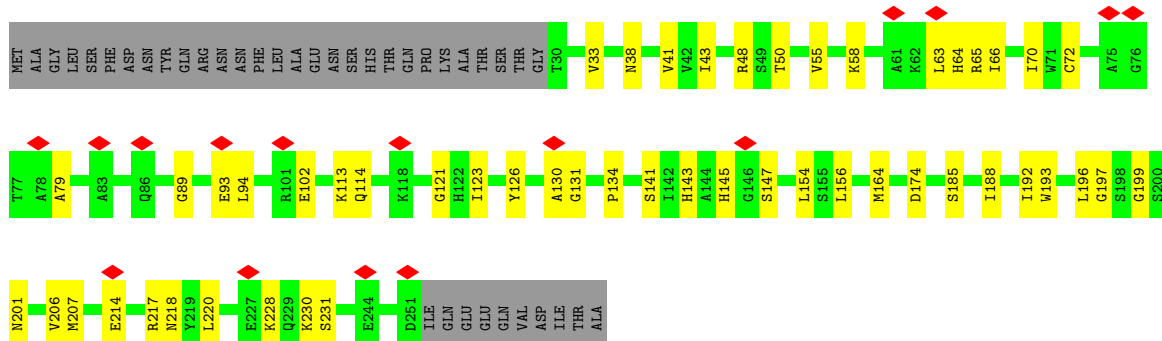




• Molecule 3: Proteasome subunit beta type-2

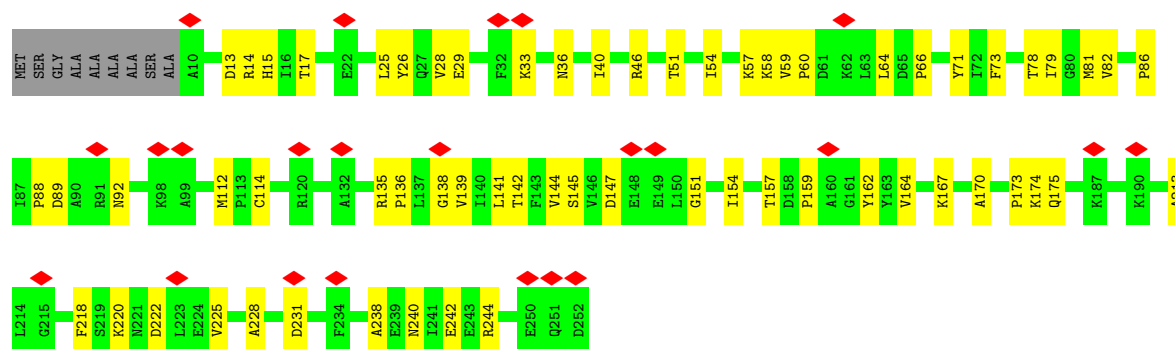


• Molecule 3: Proteasome subunit beta type-2

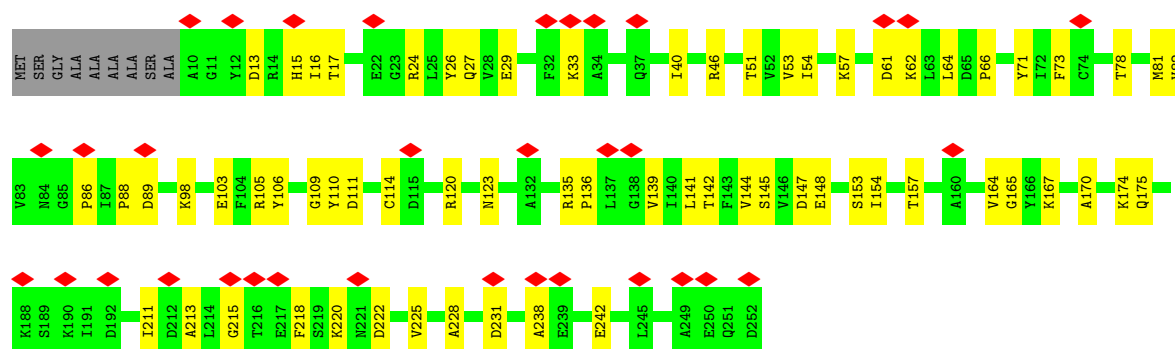


• Molecule 4: Proteasome subunit alpha type-1

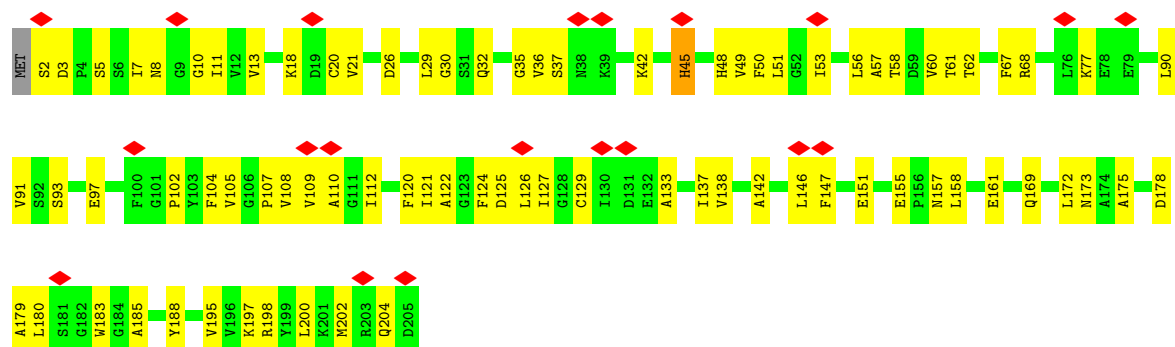




• Molecule 4: Proteasome subunit alpha type-1

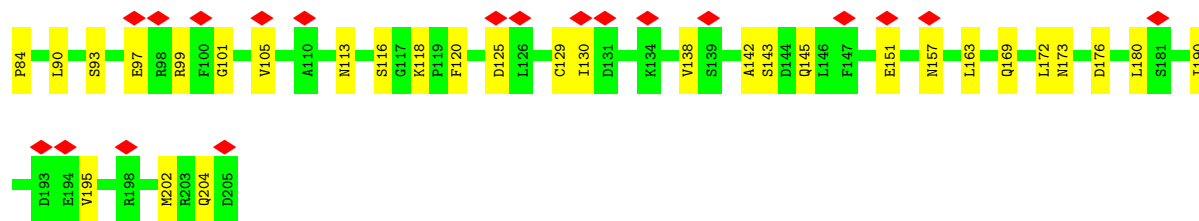


• Molecule 5: Proteasome subunit beta type-3

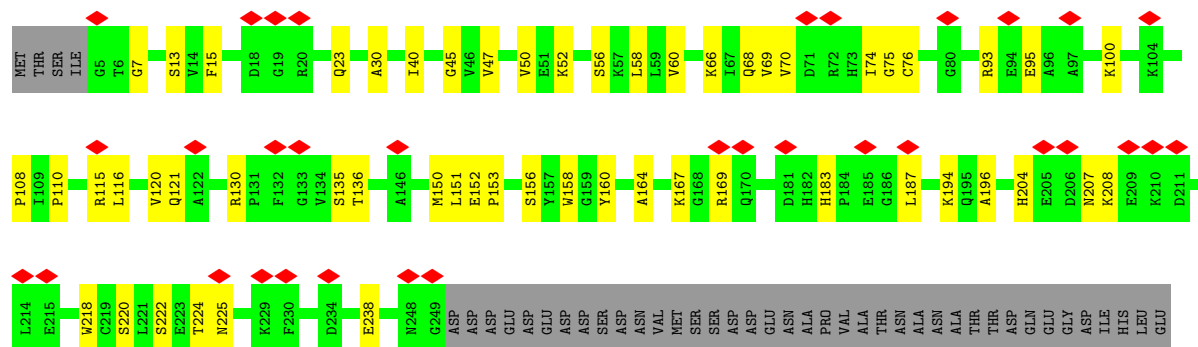


• Molecule 5: Proteasome subunit beta type-3

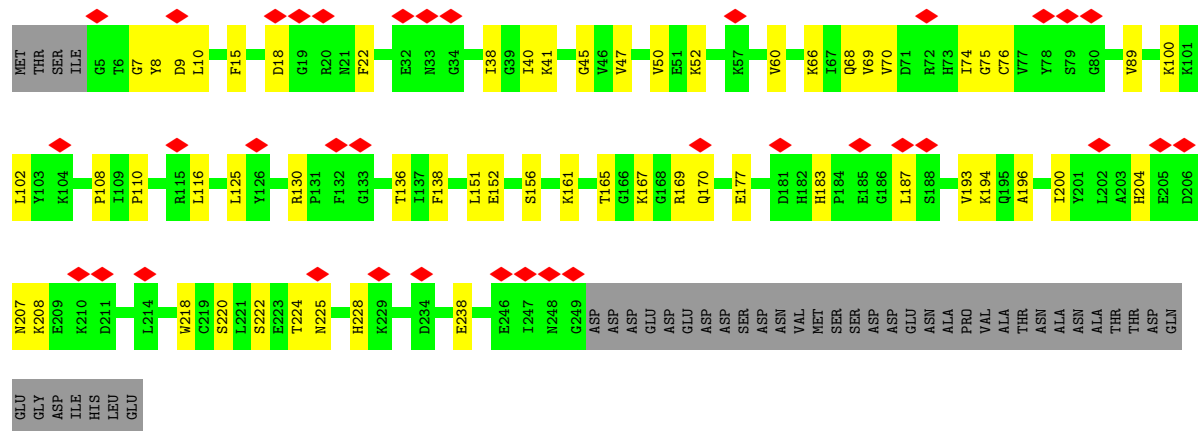




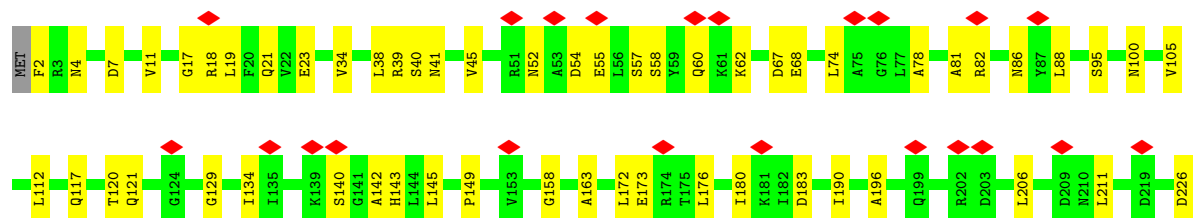
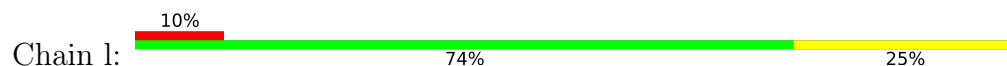
• Molecule 6: Probable proteasome subunit alpha type-7

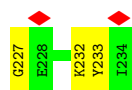


• Molecule 6: Probable proteasome subunit alpha type-7

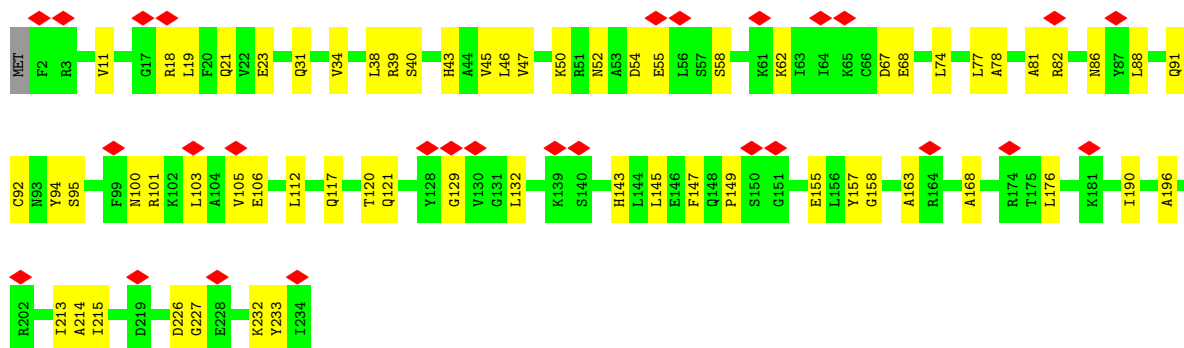
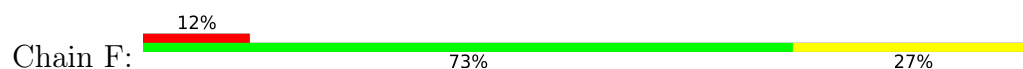


• Molecule 7: Proteasome subunit alpha type-6

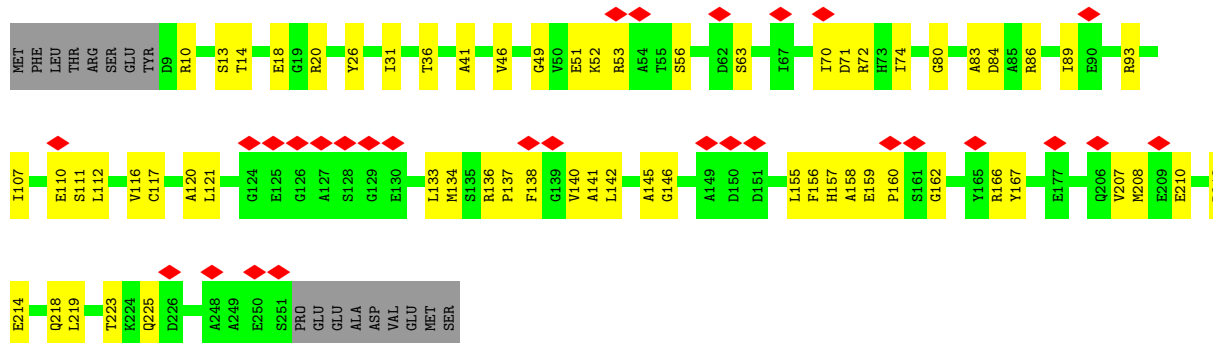




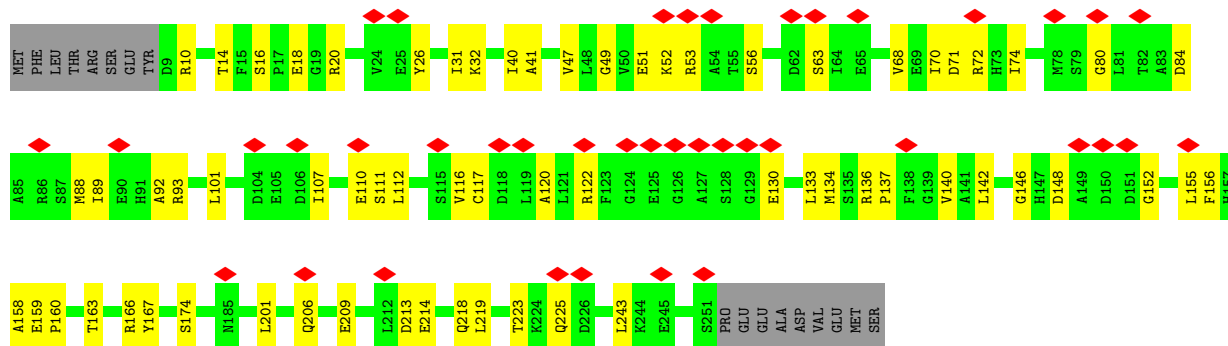
• Molecule 7: Proteasome subunit alpha type-6



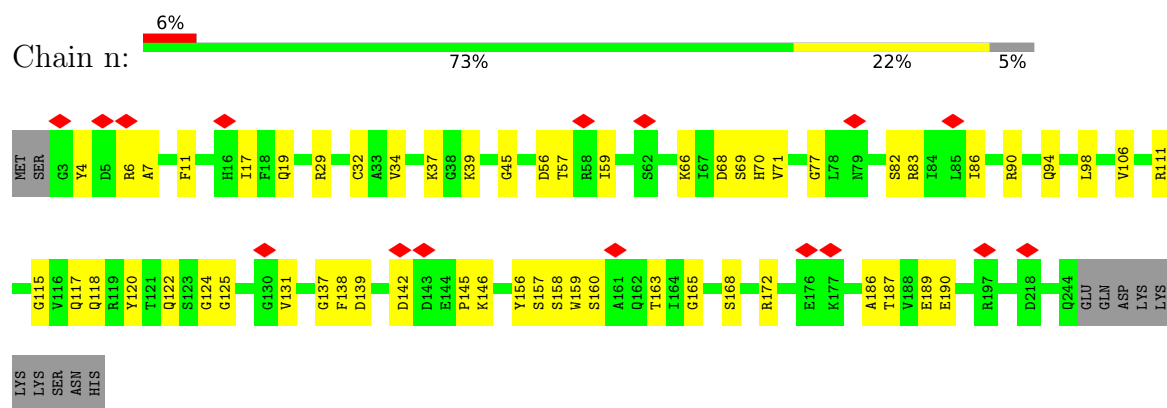
• Molecule 8: Proteasome subunit alpha type-5



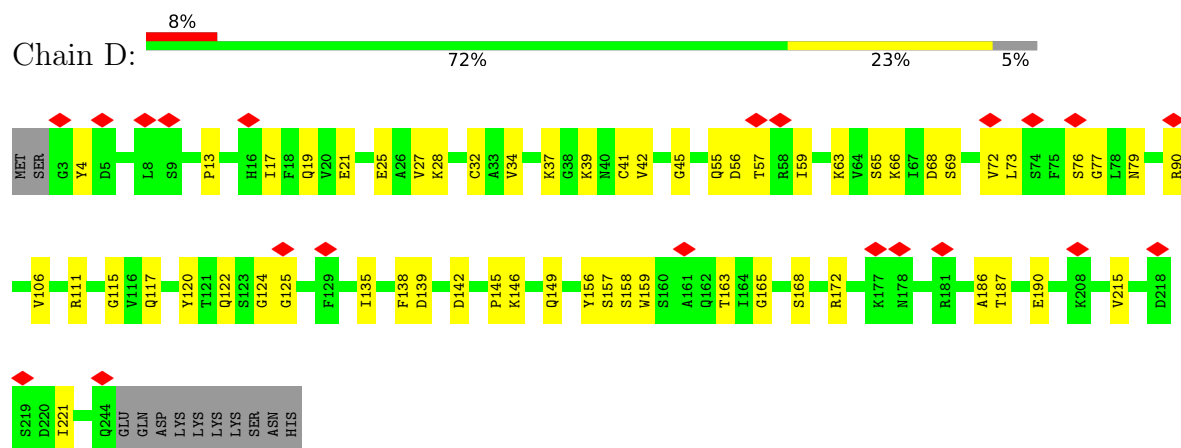
• Molecule 8: Proteasome subunit alpha type-5



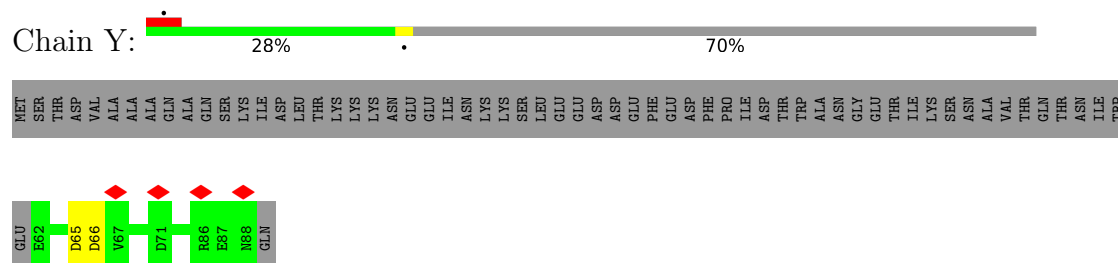
• Molecule 9: Proteasome subunit alpha type-4



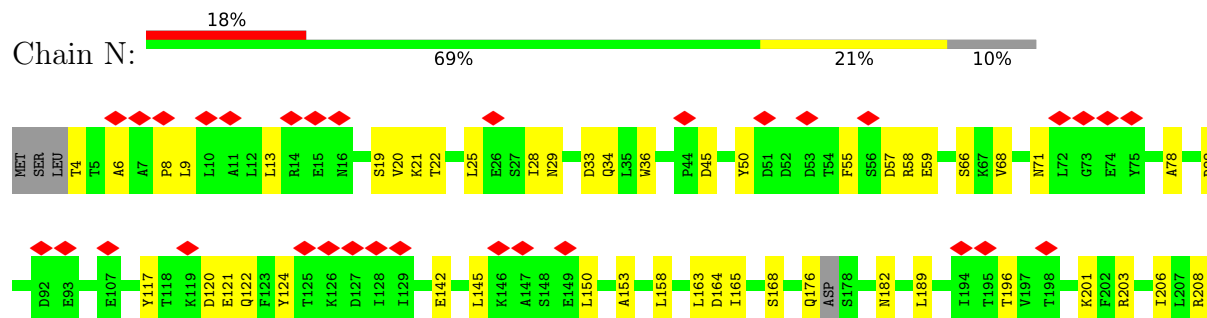
• Molecule 9: Proteasome subunit alpha type-4

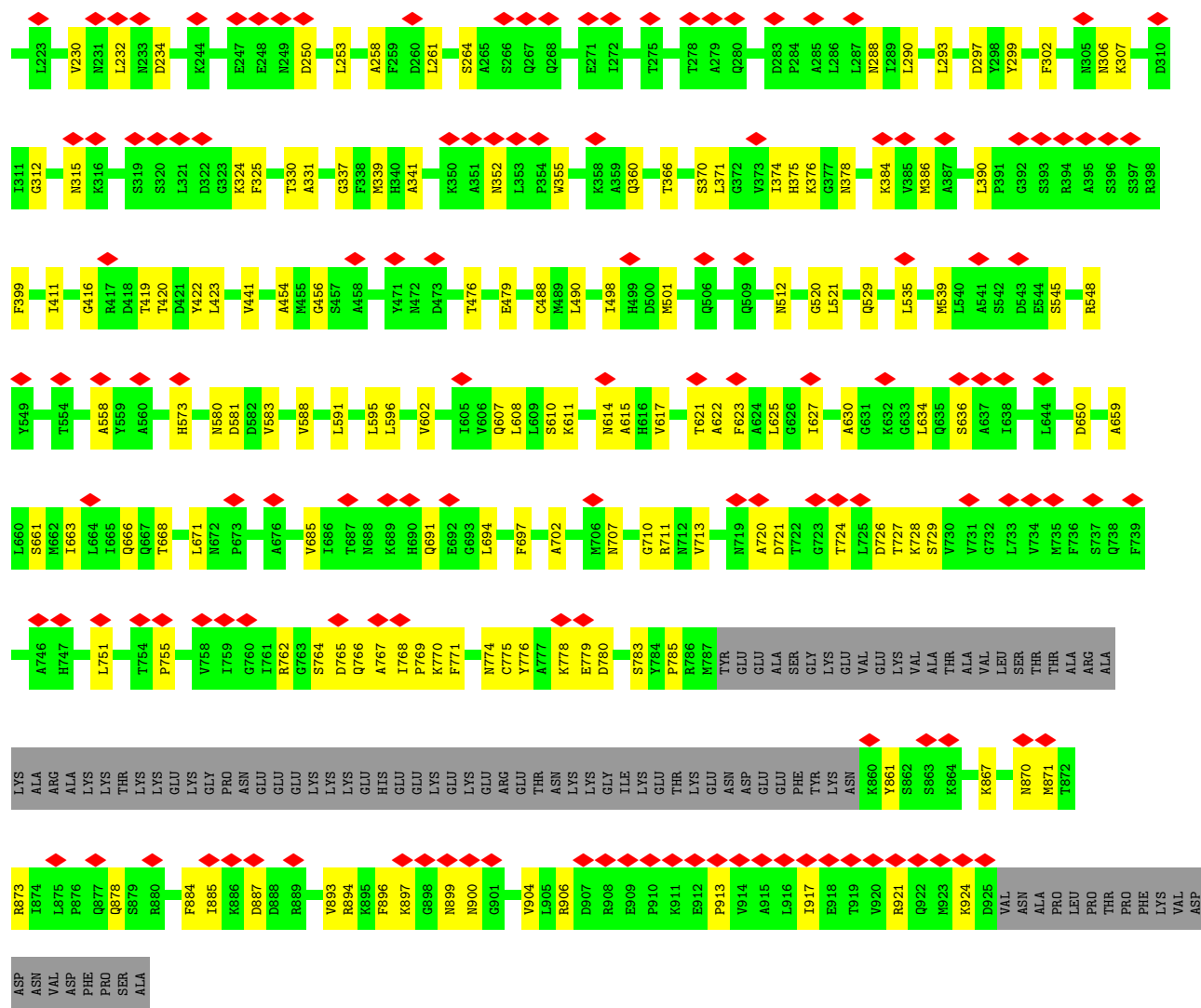


• Molecule 10: 26S proteasome complex subunit SEM1

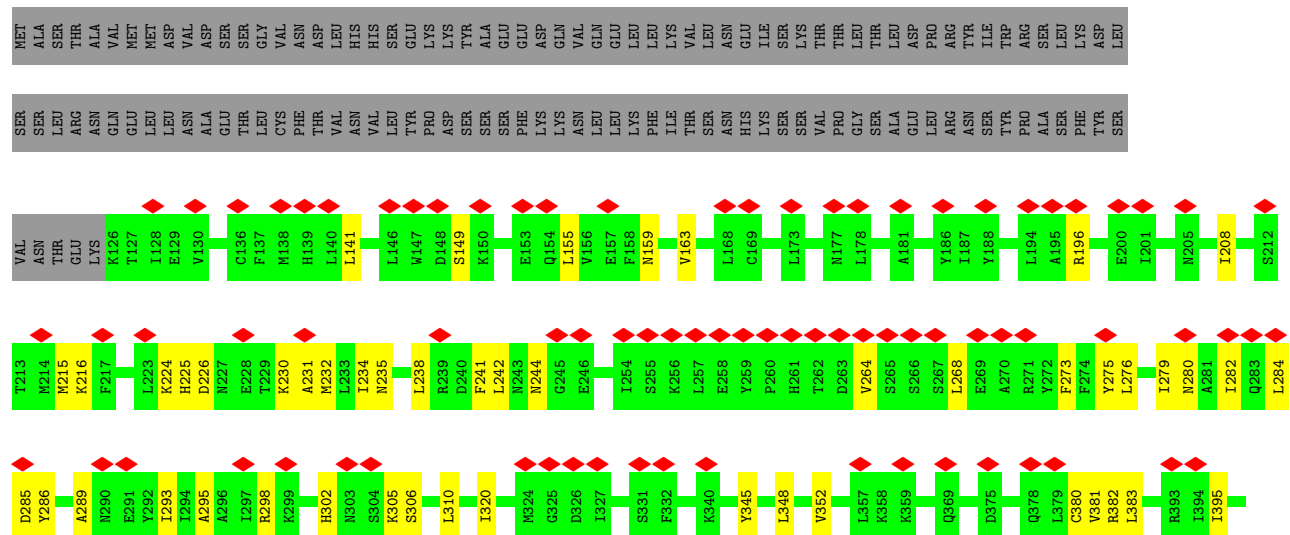


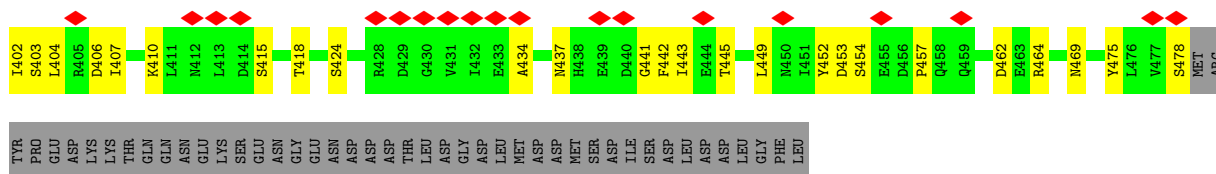
• Molecule 11: 26S proteasome regulatory subunit RPN2



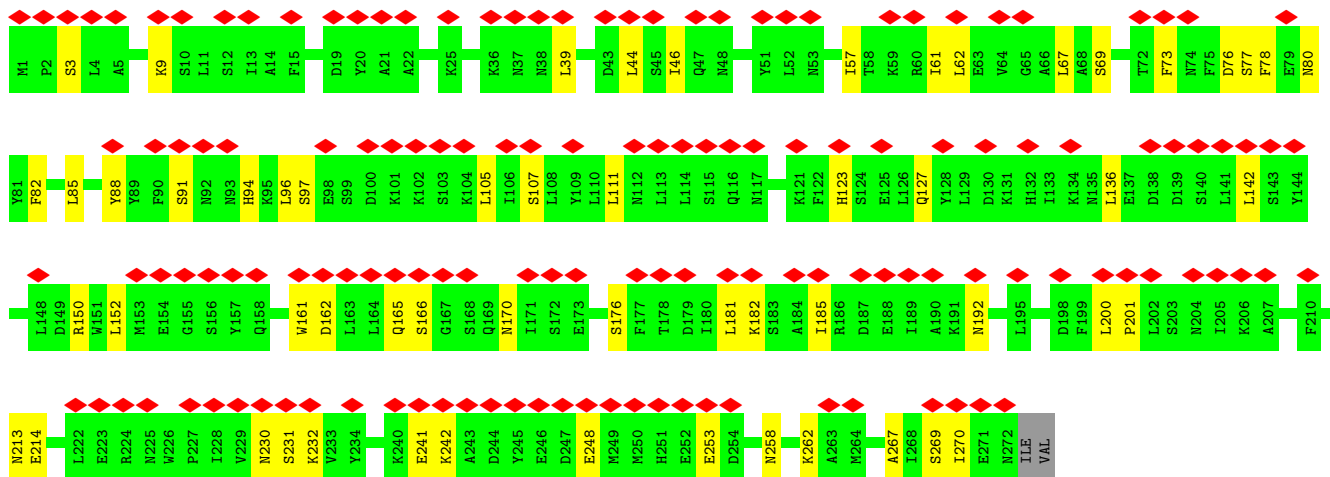
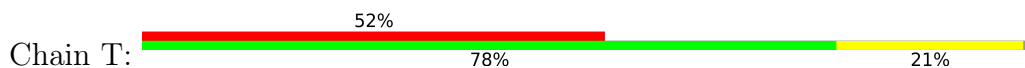


• Molecule 12: 26S proteasome regulatory subunit RPN3

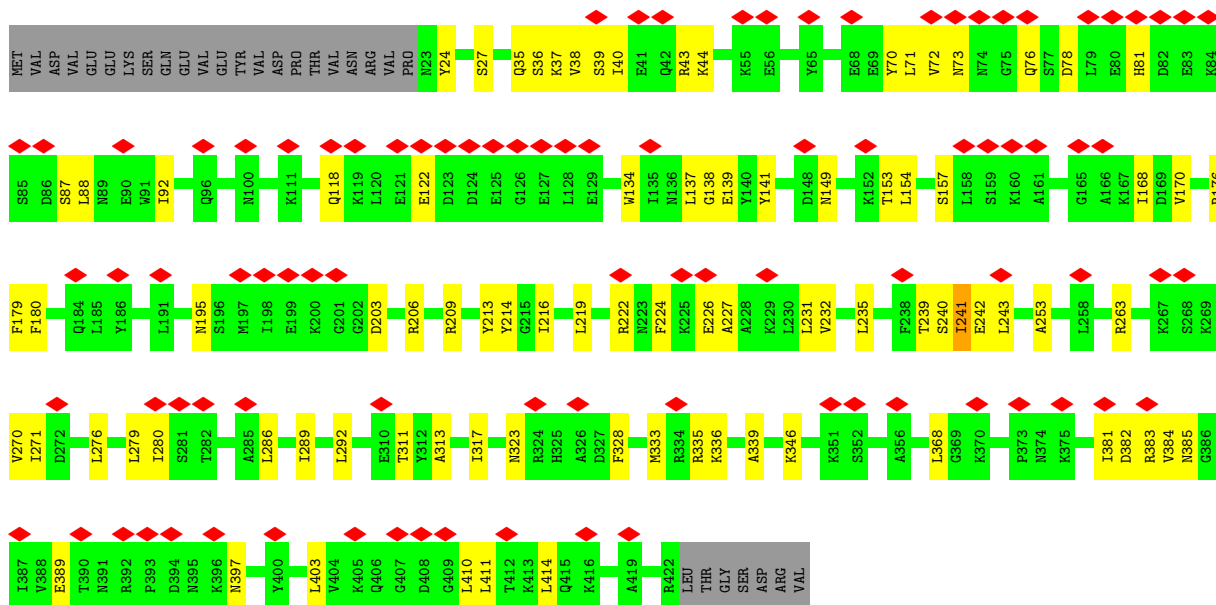
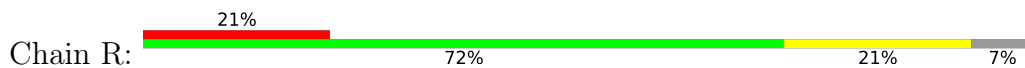




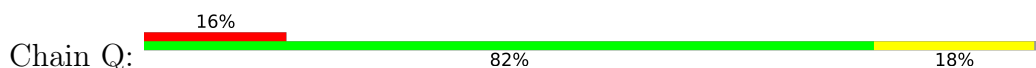
• Molecule 13: 26S proteasome regulatory subunit RPN12

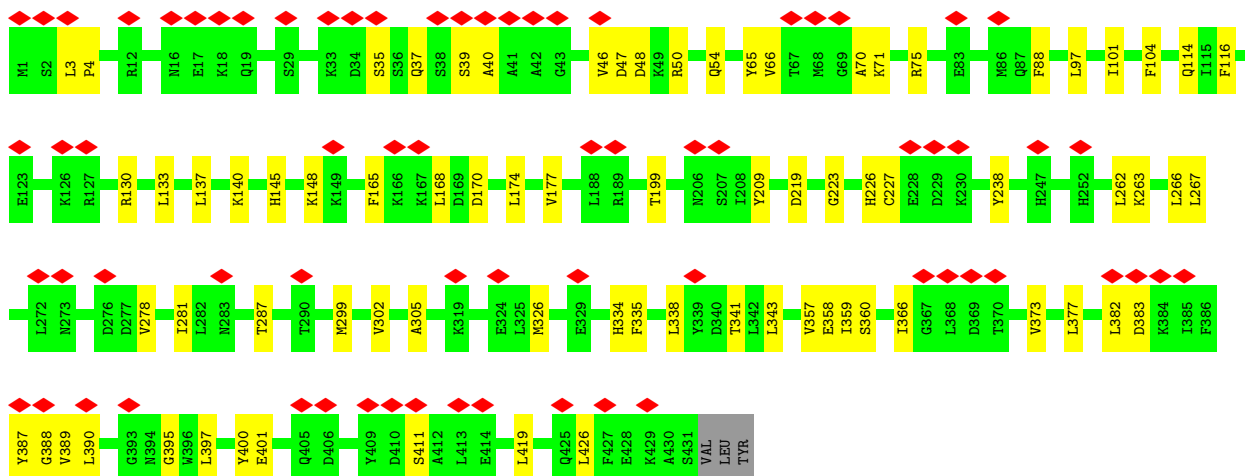


• Molecule 14: 26S proteasome regulatory subunit RPN7



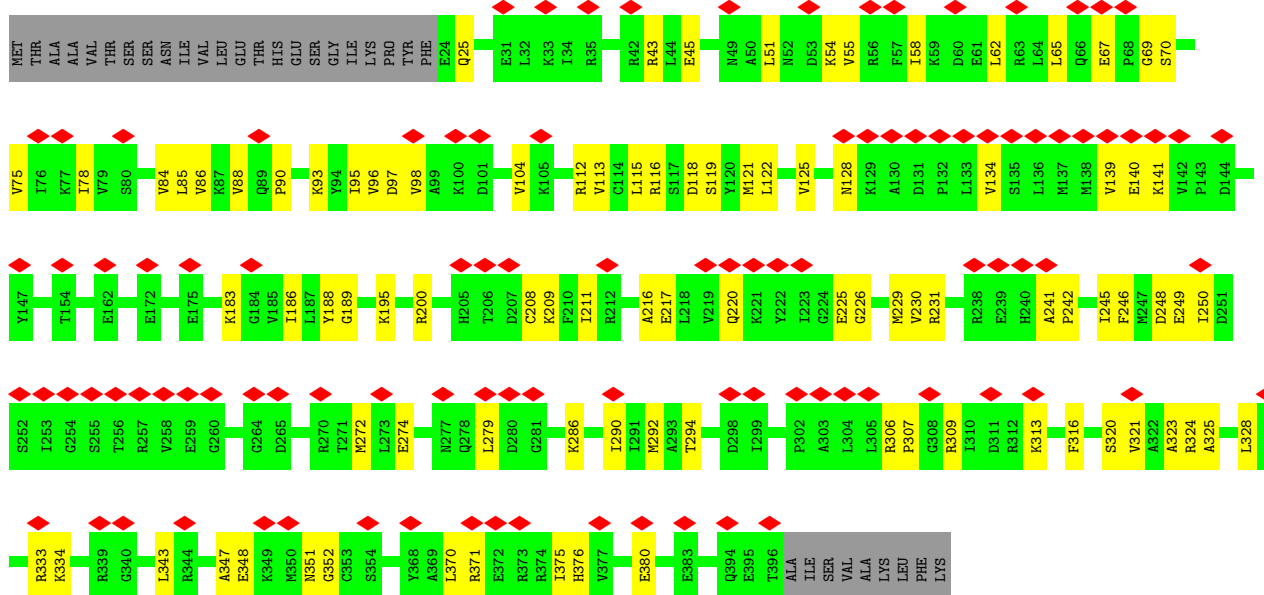
• Molecule 15: 26S proteasome regulatory subunit RPN6





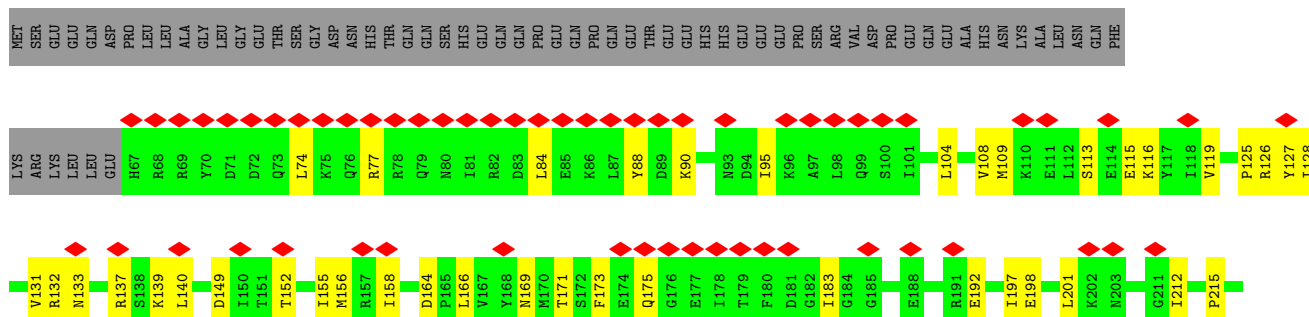
- Molecule 16: 26S protease regulatory subunit 8 homolog

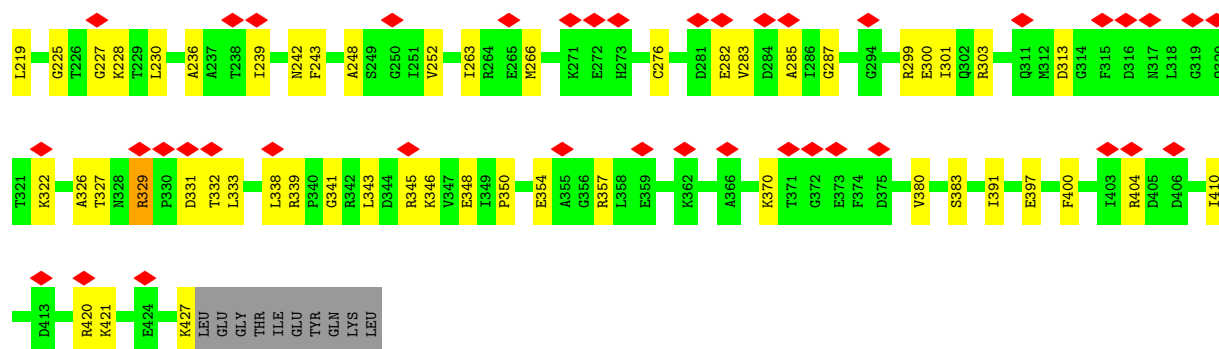
Chain J: 25% 69% 23% 8%



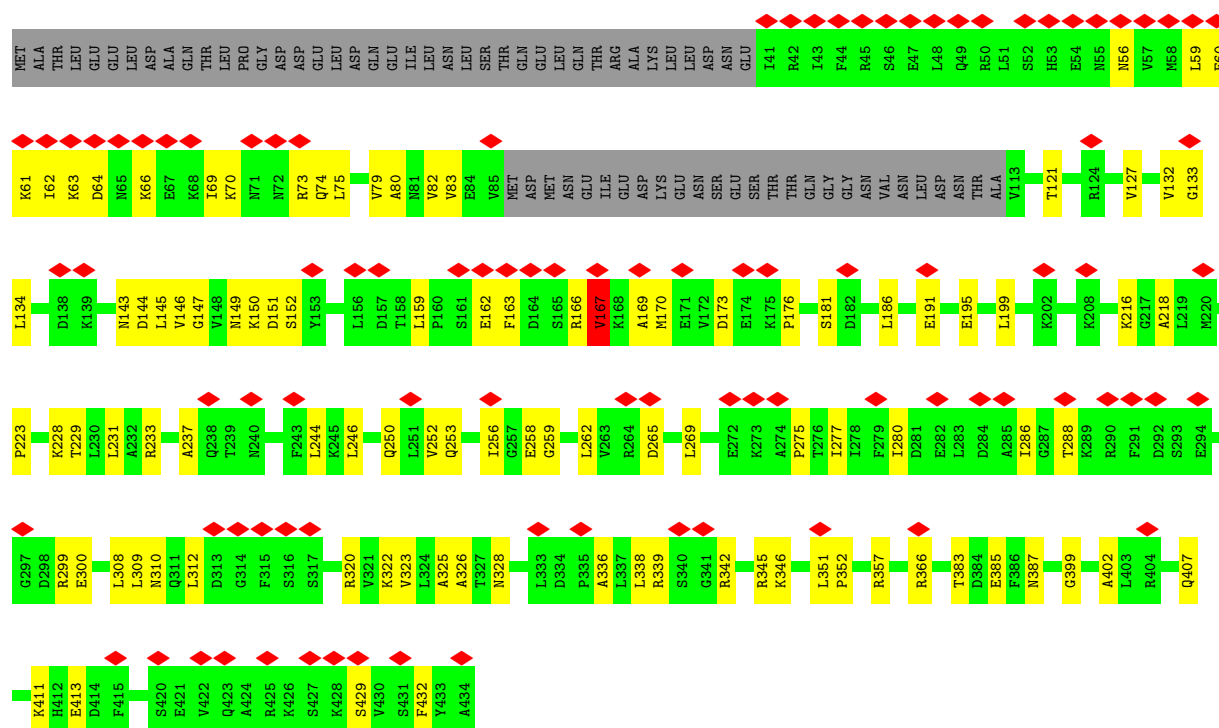
- Molecule 17: 26S protease subunit RPT4

Chain L: 22% 62% 21% 17%

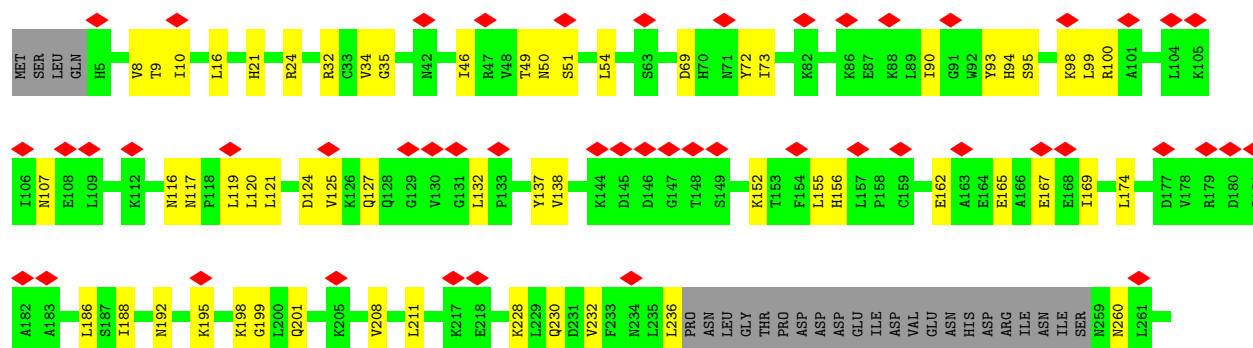


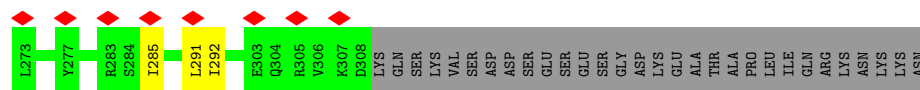


• Molecule 18: 26S protease regulatory subunit 6A

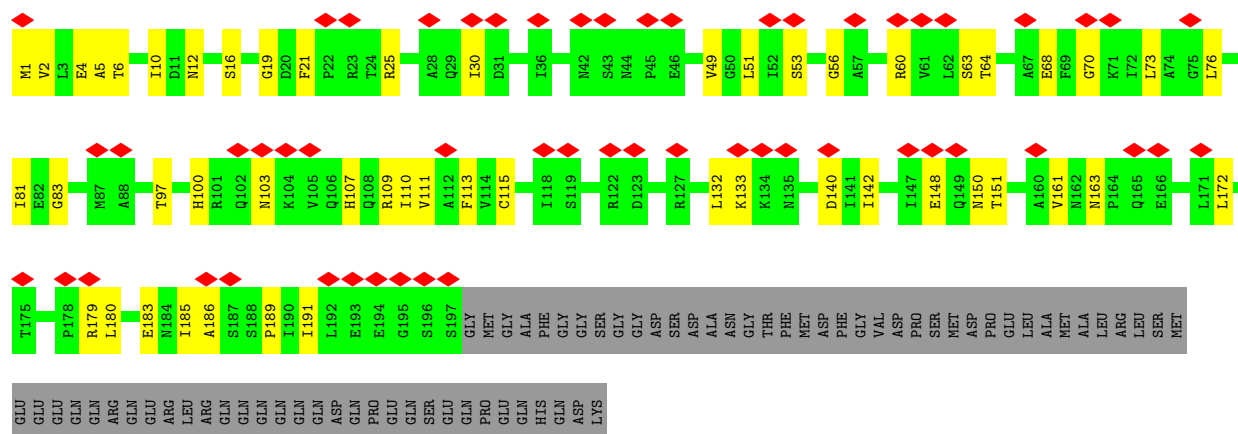


• Molecule 19: 26S proteasome regulatory subunit RPN8

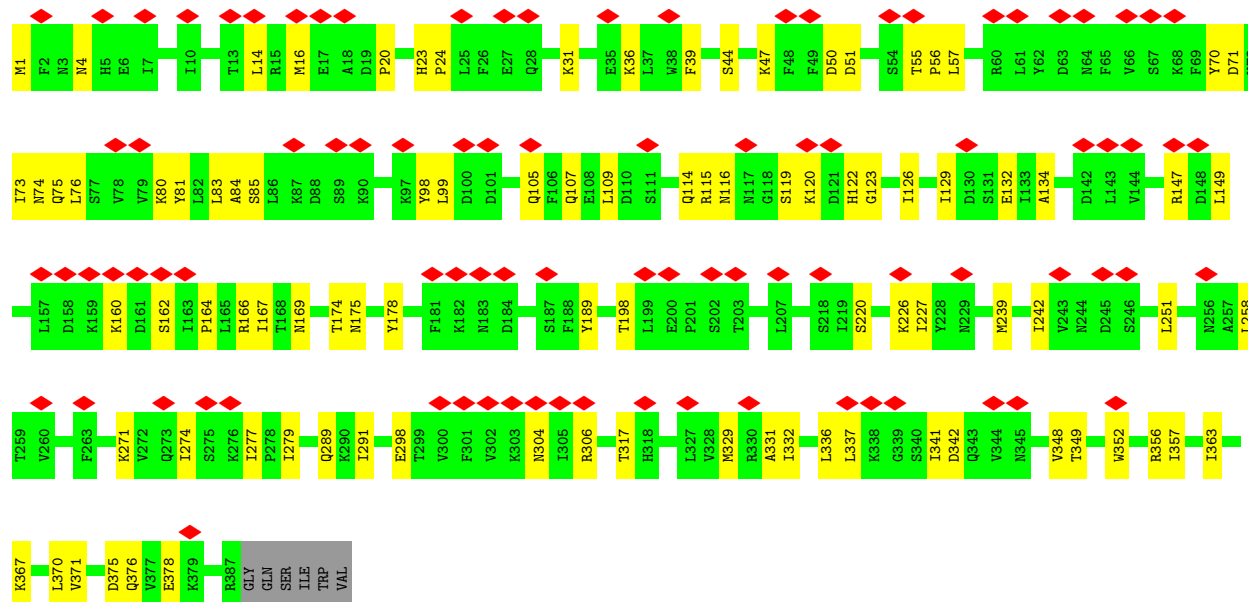




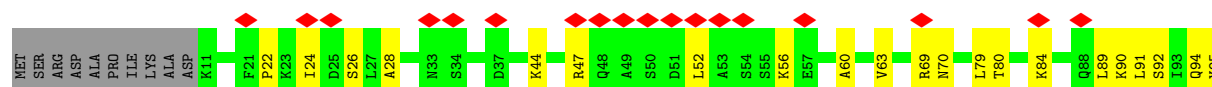
- Molecule 20: 26S proteasome regulatory subunit RPN10

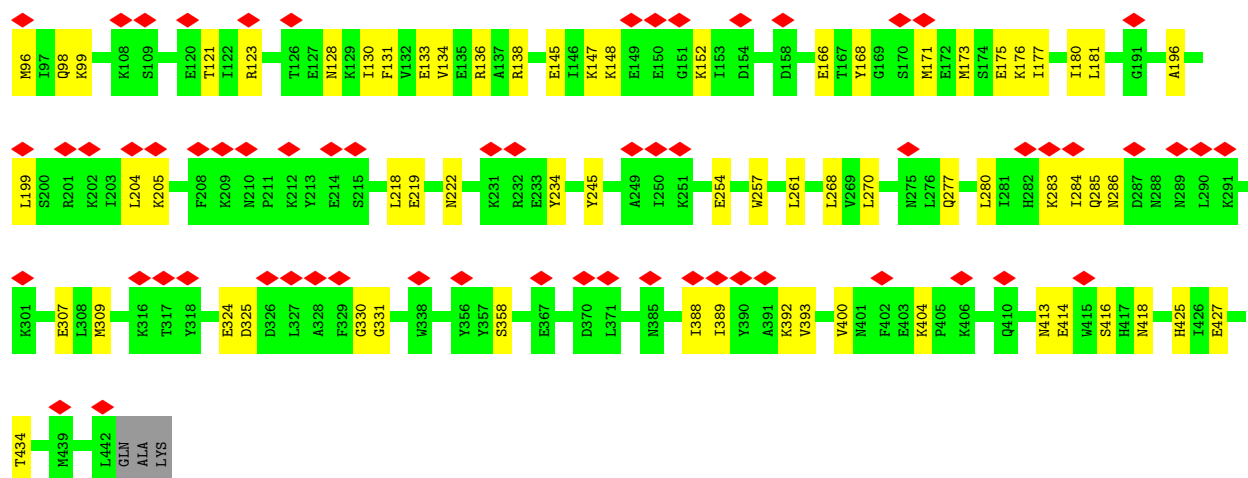


- Molecule 21: 26S proteasome regulatory subunit RPN9

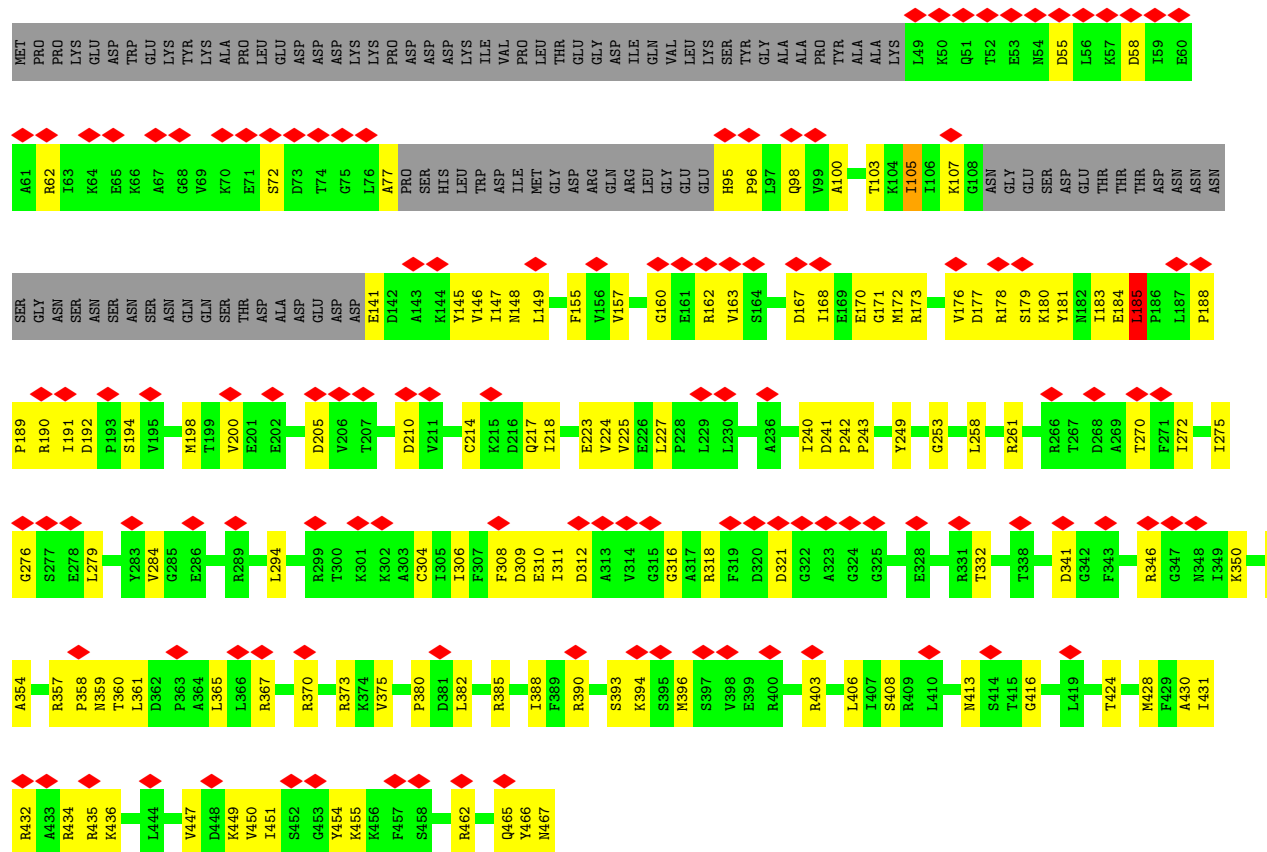


- Molecule 22: 26S proteasome regulatory subunit RPN5

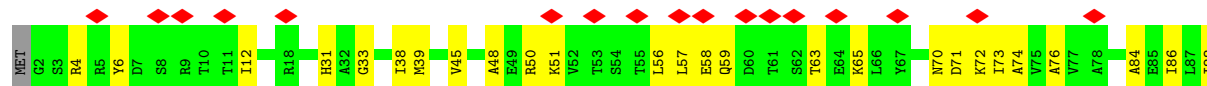


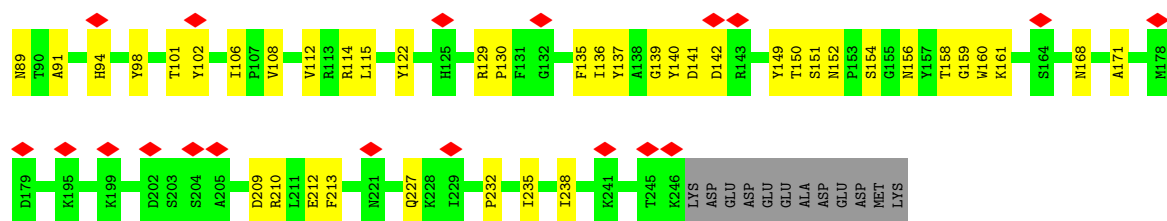


- Molecule 23: 26S protease regulatory subunit 7 homolog



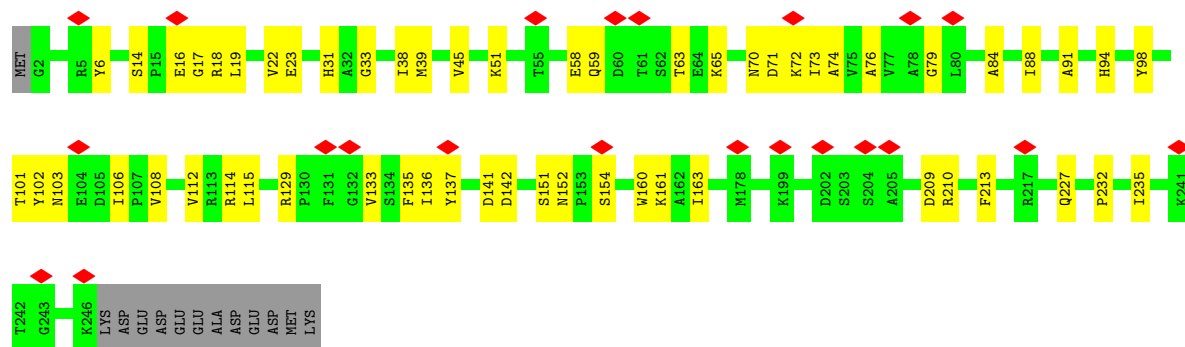
- Molecule 24: Proteasome subunit alpha type-3





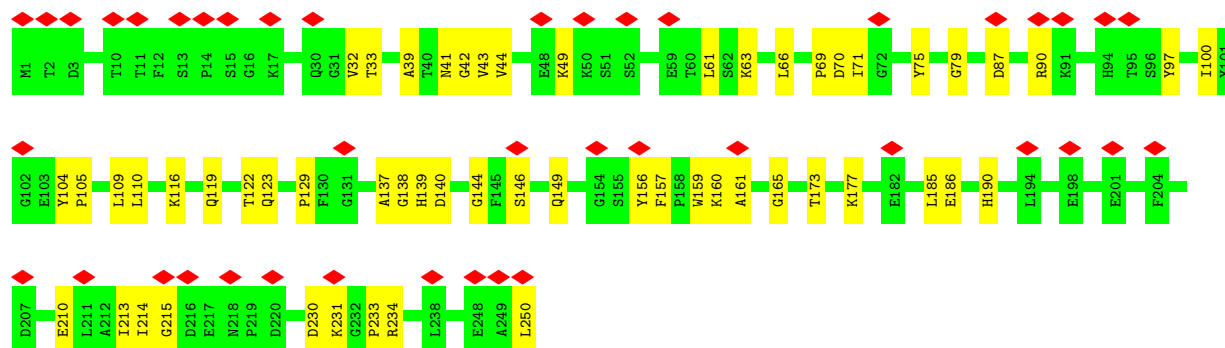
• Molecule 24: Proteasome subunit alpha type-3

Chain d:



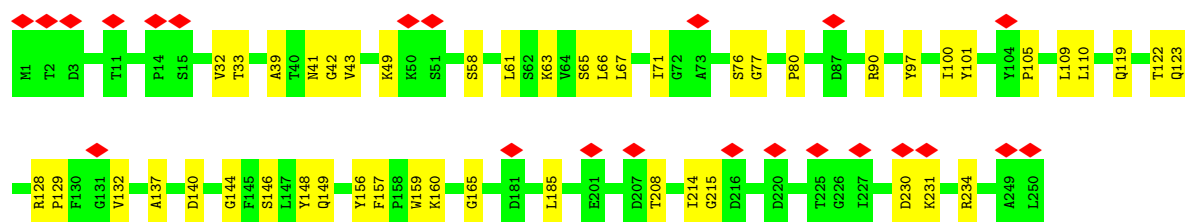
• Molecule 25: Proteasome subunit alpha type-2

Chain B:

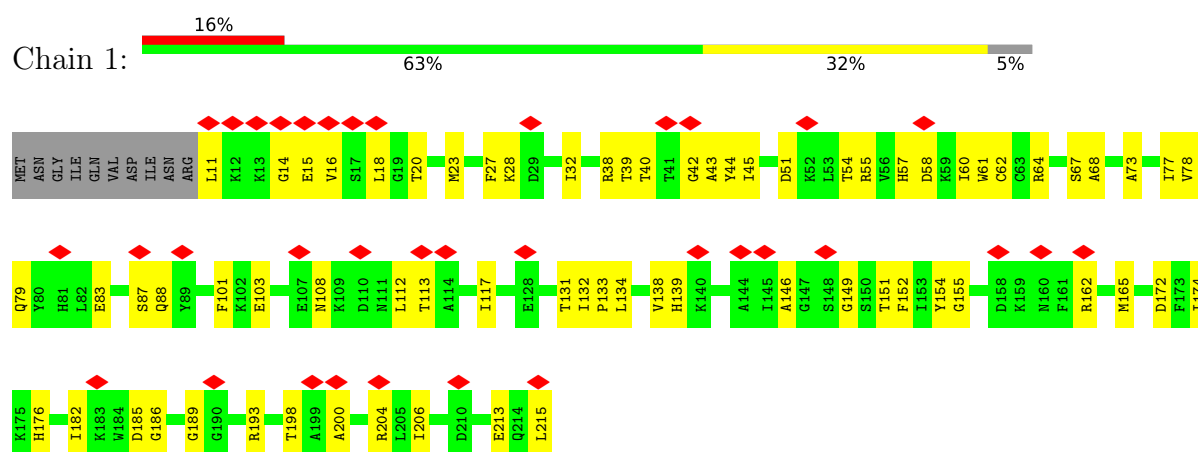


• Molecule 25: Proteasome subunit alpha type-2

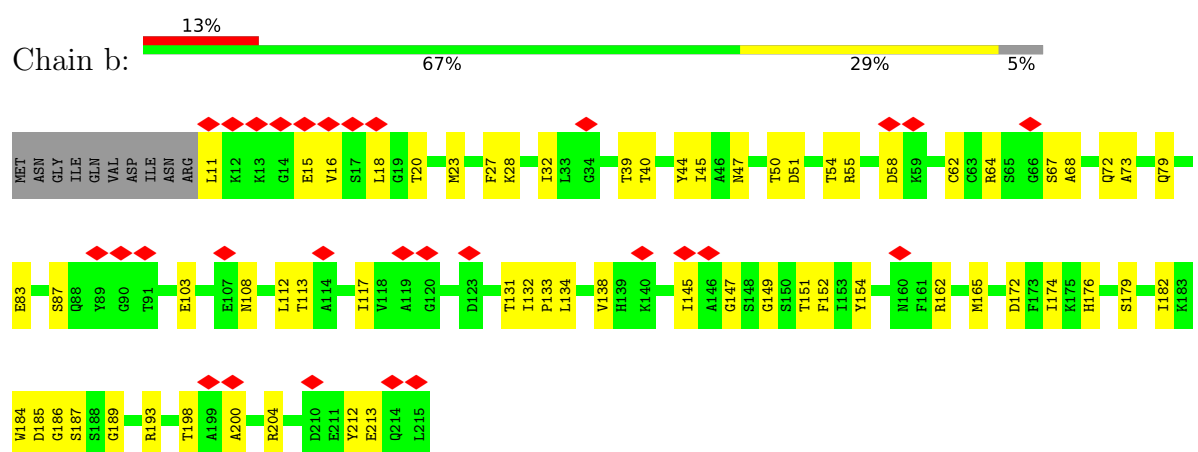
Chain j:



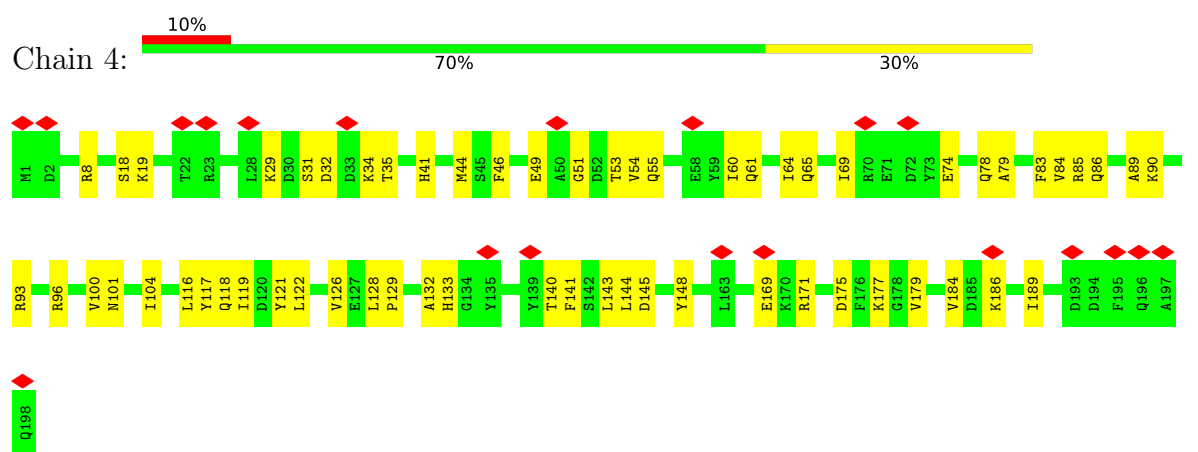
• Molecule 26: Proteasome subunit beta type-1



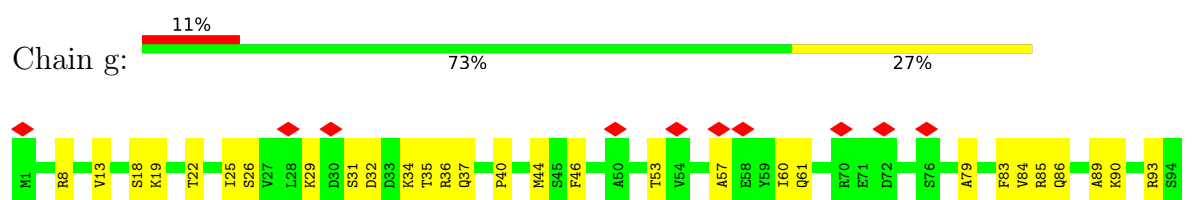
• Molecule 26: Proteasome subunit beta type-1

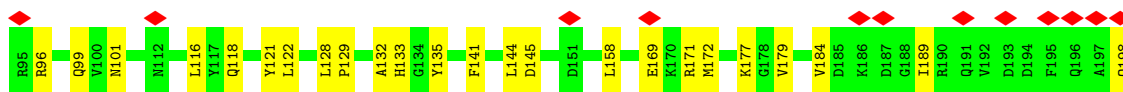


• Molecule 27: Proteasome subunit beta type-4

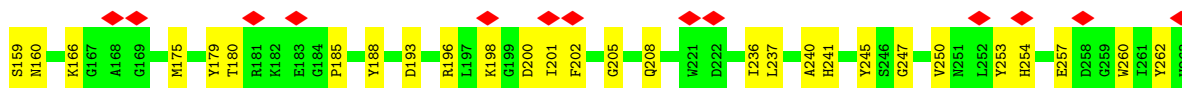
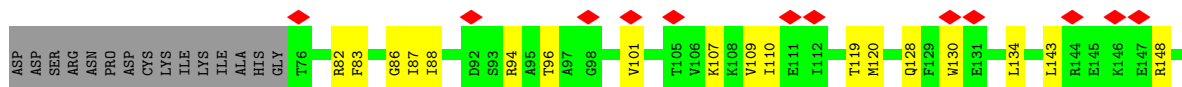


• Molecule 27: Proteasome subunit beta type-4

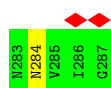
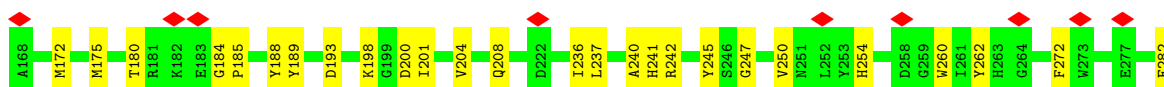
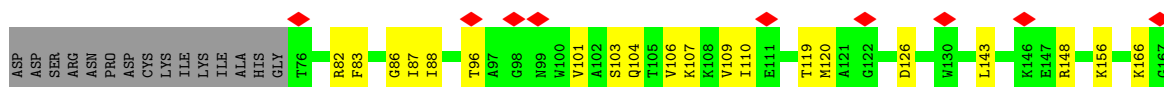




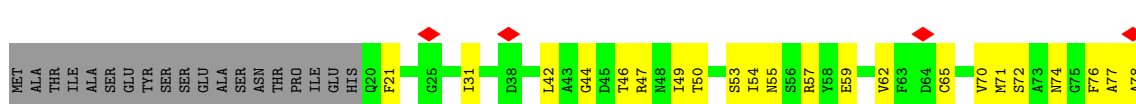
• Molecule 28: Proteasome subunit beta type-5

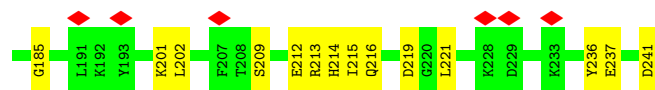


• Molecule 28: Proteasome subunit beta type-5

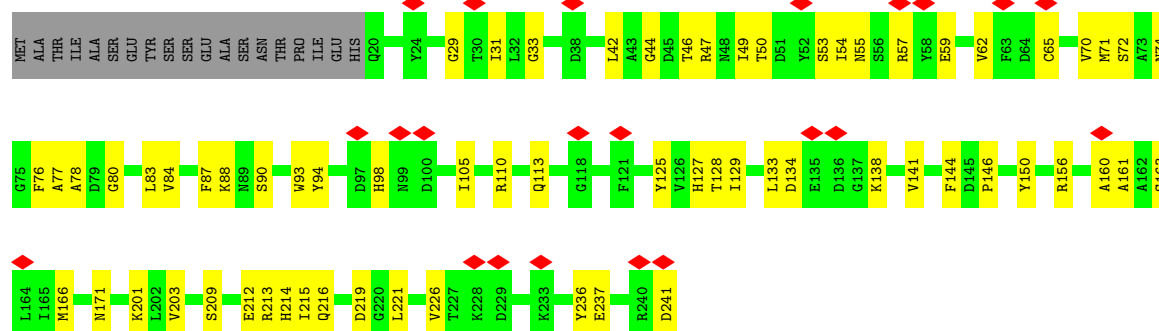


• Molecule 29: Proteasome subunit beta type-6

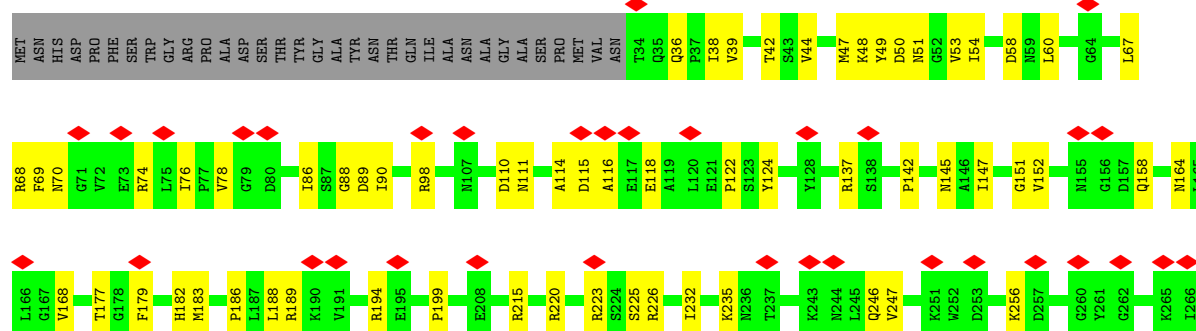




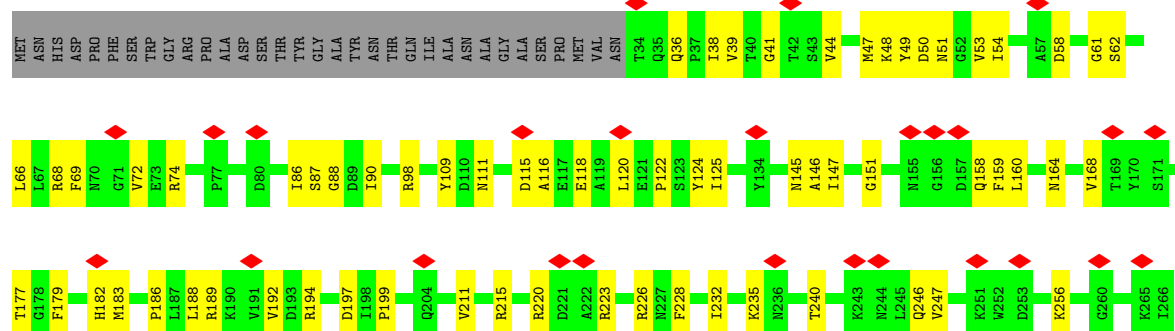
- Molecule 29: Proteasome subunit beta type-6



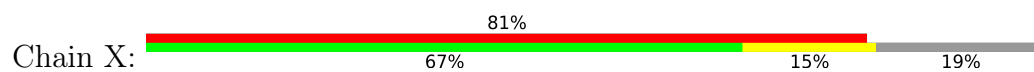
- Molecule 30: Proteasome subunit beta type-7



- Molecule 30: Proteasome subunit beta type-7

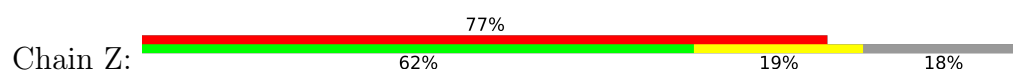


- Molecule 31: 26S proteasome regulatory subunit RPN13

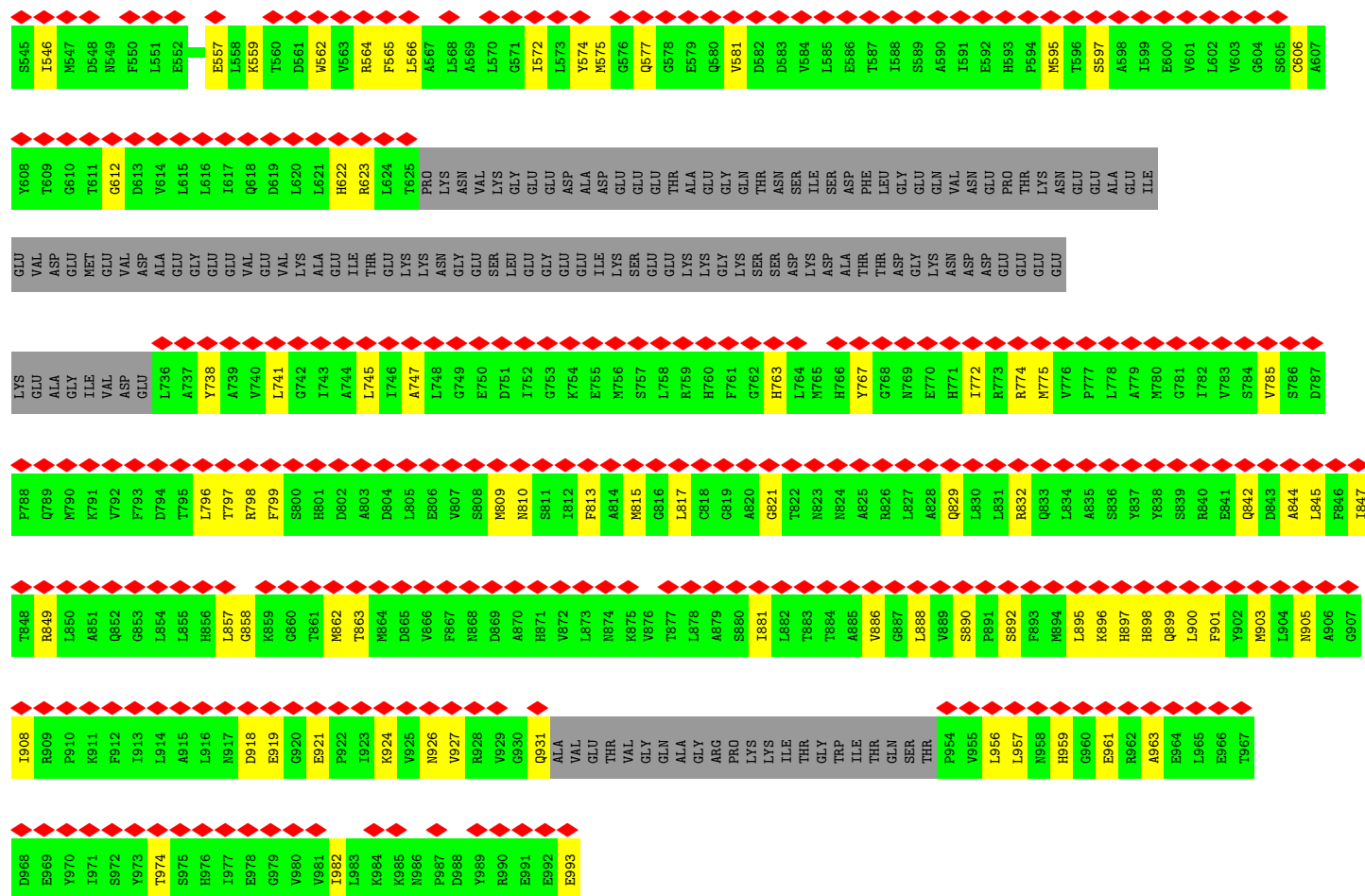


--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

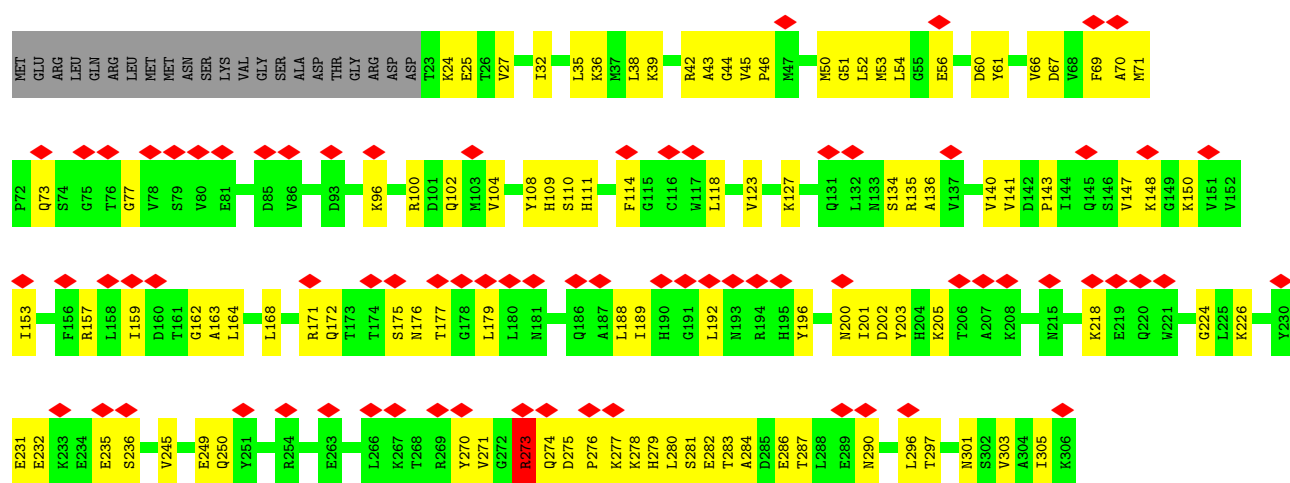
• Molecule 32: 26S proteasome regulatory subunit RPN1



D482	T483	K484	I485	S486	S487	A488	A489	I490	L491	G492	L493	G494	I495	A496	F497	A498	G499	S500	K501	N502	D503	E504	V505	L506	G507	L508	Y509	L510	P511	I512	A513	A514	S515	T516	D517	I518	P519	A524	M525	A526	S527	L528	A529	L530	A531	H532	V533	F534	V535	G536	T537	C538	N539	G540	D541	I542	T543	T544		
I422	G423	S424	I425	Y426	Q427	W428	M429	L430	D431	G432	L433	G434	Q435	L436	D437	K438	Y439	L440	Y441	V442	D443	E444	P445	E446	W447	K448	A449	L450	G450	A451	L452	L453	G454	I455	G456	I457	S458	A459	S460	G461	W462	H463	D464	G465	E466	W467	Y468	P469	A470	L471	L472	L473	L474	Q475	D476	Y477	Y478	T479	N480	P481
L362	D363	N364	S365	K366	S367	V368	F369	S370	S371	A372	G373	L374	D375	S376	A377	Q378	Q379	N380	L381	A382	S383	S384	F385	V386	N387	G388	F389	L390	N391	L392	G393	Y394	C395	N396	D397	K398	L399	I400	V401	D402	N403	D404	N405	W406	V407	Y408	K409	T410	K411	G412	D413	G414	M415	T416	S417	A418	V419	A420	S421	
T301	S302	D303	P304	V305	K306	H307	K308	Q309	L310	A311	Y312	I313	A316		Q317	K318	T319	S320	F321	E322	Y323	E324	G325	V326	Q327	D328	I329	I330	G331	N332	G333	K334	L335	S336	E337	H338	F339	L340	Y341	L342	A343	K344	E345	L346	N347	L348	T349	G350	P351	K352	V353	P354	E355	D356	I357	Y358	K359	S360	H361	
T241	F242	Q243	R244	V245	C246	Q247	Y248	M249	V250	A251	C252	V253	P254	L255	L256	P257	P258	P259	E260	D261	Y262	A263	F264	L265	K266	T267	A268	Y269	S270	L271	Y272	L273	S274	Q275	N276	E277	L278	T279	D280	A281	I282	A283	L284	A285	V286	R287	L288	G289	E290	P291	K292	M293	I294	R295	S296	V297	F298	D299	A300	
G181	S182	K183	S184	D185	G186	S187	A188	A189	T190	S191	G192	F193	E194	F195	S196	K197	E198	D199	T200	L201	R202	L203	C204	L205	D206	I207	V208	P209	Y210	F211	L212	K213	H214	N215	G216	E217	E218	D219	A220	V221	D222	L223	L224	L225	E226	T227	E228	S229	T230	D231	K232	L233	P234	Q235	F236	V237	D238	E239	N240	
I121	L122	A123	M124	T125	Y126	S127	E128	M129	G130	K131	H132	D133	S134	L135	R136	Y137	R138	L139	L140	S141	D142	V143	S144	D145	F146	E147	G148	W149	G150	H151	E152	Y153	I154	R155	H156	L157	A158	L159	E160	I161	G162	E163	V164	Y165	N166	D167	Q168	V169	E170	K171	D172	A173	D175	E174	L175	A176	D177	V178	L179	D180
S61	S62	L63	Y64	E65	A66	S67	L68	N69	A70	L71	K72	E73	S74	I75	K76	M77	T79	S80	H81	M82	T83	A84	V85	P86	K87	P88	L89	K90	F91	L92	R93	P94	T95	Y96	P97	D98	L99	C100	S101	I102	Y103	D104	K105	W106	T107	D108	P109	N110	L111	K112	S113	S114	L115	A116	D117	V118	L119	D120		
MET	VAL	ASP	GLU	SER	ASP	LYS	LYS	GLN	GLN	THR	ILE	SER	PRO	GLU	LYS	THR	PRO	ASN	LYS	LYS	LYS	LYS	LYS	GLU	GLU	GLU	GLU	GLN	LEU	SER	GLU	GLU	ASP	ALA	LYS	LEU	LYS	THR	ASP	L49	E50	L51	L52	V53	E54	R55	L56	A57	E58	D59	D60									



• Molecule 33: Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase RPN11



4 Experimental information

Property	Value	Source
EM reconstruction method	SINGLE PARTICLE	Depositor
Imposed symmetry	POINT, Not provided	
Number of particles used	26000	Depositor
Resolution determination method	FSC 0.143 CUT-OFF	Depositor
CTF correction method	PHASE FLIPPING AND AMPLITUDE CORRECTION	Depositor
Microscope	FEI TITAN KRIOS	Depositor
Voltage (kV)	300	Depositor
Electron dose ($e^-/\text{\AA}^2$)	25	Depositor
Minimum defocus (nm)	Not provided	
Maximum defocus (nm)	Not provided	
Magnification	Not provided	
Image detector	FEI FALCON II (4k x 4k)	Depositor
Maximum map value	2.237	Depositor
Minimum map value	-1.142	Depositor
Average map value	0.012	Depositor
Map value standard deviation	0.123	Depositor
Recommended contour level	0.755	Depositor
Map size (Å)	474.47998, 474.47998, 474.47998	wwPDB
Map dimensions	360, 360, 360	wwPDB
Map angles (°)	90.0, 90.0, 90.0	wwPDB
Pixel spacing (Å)	1.318, 1.318, 1.318	Depositor

5 Model quality

5.1 Standard geometry

The Z score for a bond length (or angle) is the number of standard deviations the observed value is removed from the expected value. A bond length (or angle) with $|Z| > 5$ is considered an outlier worth inspection. RMSZ is the 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	I	0.10	0/2860	0.34	0/3856
2	K	0.11	0/3062	0.35	0/4132
3	2	0.07	0/1715	0.23	0/2326
3	i	0.07	0/1715	0.22	0/2326
4	A	0.07	0/1959	0.25	0/2652
4	c	0.07	0/1959	0.23	0/2652
5	3	0.08	0/1611	0.25	0/2174
5	h	0.09	0/1611	0.28	0/2174
6	G	0.07	0/1940	0.23	0/2619
6	k	0.07	0/1940	0.24	0/2619
7	F	0.07	0/1823	0.25	0/2463
7	l	0.07	0/1823	0.23	0/2463
8	E	0.06	0/1892	0.22	0/2549
8	m	0.06	0/1892	0.23	0/2549
9	D	0.08	0/1928	0.26	0/2610
9	n	0.07	0/1928	0.23	0/2610
10	Y	0.07	0/239	0.21	0/322
11	N	0.08	0/6670	0.25	0/9023
12	S	0.08	0/2945	0.26	0/3976
13	T	0.08	0/2279	0.27	0/3077
14	R	0.08	0/3272	0.25	0/4412
15	Q	0.07	0/3527	0.23	0/4748
16	J	0.21	1/2964 (0.0%)	0.28	0/3981
17	L	0.15	1/2896 (0.0%)	0.30	0/3895
18	M	0.09	0/2903	0.30	0/3909
19	U	0.07	0/2287	0.23	0/3087
20	W	0.08	0/1557	0.26	0/2111
21	O	0.08	0/3243	0.26	0/4374
22	P	0.07	0/3599	0.24	0/4854
23	H	0.23	1/2931 (0.0%)	0.37	0/3941
24	C	0.07	0/1943	0.23	0/2629
24	d	0.07	0/1943	0.23	0/2629
25	B	0.08	0/1952	0.25	0/2642
25	j	0.08	0/1952	0.26	0/2642

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	# Z >5	RMSZ	# Z >5
26	1	0.08	0/1605	0.31	0/2171
26	b	0.07	0/1603	0.27	0/2168
27	4	0.07	0/1613	0.24	0/2173
27	g	0.08	0/1613	0.29	0/2173
28	5	0.07	0/1681	0.23	0/2274
28	f	0.06	0/1681	0.23	0/2274
29	6	0.07	0/1795	0.24	0/2420
29	e	0.07	0/1795	0.24	0/2420
30	7	0.08	0/1855	0.25	0/2514
30	a	0.08	0/1855	0.25	0/2514
31	X	0.07	0/1058	0.25	0/1432
32	Z	0.09	0/6403	0.29	0/8686
33	V	0.13	0/2271	0.38	0/3064
All	All	0.10	3/107588 (0.0%)	0.27	0/145309

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
1	I	0	1
5	h	0	1
18	M	0	1
26	1	0	1
33	V	0	2
All	All	0	6

All (3) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
23	H	185	LEU	C-N	10.56	1.58	1.33
16	J	241	ALA	C-N	10.36	1.58	1.33
17	L	329	ARG	C-N	6.95	1.50	1.33

There are no bond angle outliers.

There are no chirality outliers.

5 of 6 planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
26	1	42	GLY	Peptide

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	I	102	ASN	Peptide
18	M	167	VAL	Peptide
33	V	162	GLY	Peptide
5	h	45	HIS	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	I	2822	0	2870	79	0
2	K	3019	0	3084	100	0
3	2	1684	0	1685	37	0
3	i	1684	0	1685	32	0
4	A	1921	0	1910	49	0
4	c	1921	0	1910	42	0
5	3	1581	0	1571	46	0
5	h	1581	0	1571	62	0
6	G	1900	0	1889	41	0
6	k	1900	0	1889	41	0
7	F	1795	0	1797	39	0
7	l	1795	0	1797	41	0
8	E	1867	0	1841	51	0
8	m	1867	0	1841	48	0
9	D	1899	0	1908	39	0
9	n	1899	0	1908	43	0
10	Y	236	0	203	2	0
11	N	6562	0	6625	130	0
12	S	2893	0	2937	55	0
13	T	2235	0	2207	37	0
14	R	3218	0	3216	58	0
15	Q	3471	0	3495	48	0
16	J	2928	0	3057	76	0
17	L	2853	0	2926	78	0
18	M	2866	0	2938	81	0
19	U	2257	0	2312	52	0
20	W	1534	0	1542	35	0
21	O	3182	0	3207	59	0
22	P	3545	0	3629	52	0

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
23	H	2889	0	2964	108	0
24	C	1913	0	1914	46	0
24	d	1913	0	1914	38	0
25	B	1915	0	1929	41	0
25	j	1915	0	1929	37	0
26	1	1576	0	1552	48	0
26	b	1574	0	1547	43	0
27	4	1585	0	1590	53	0
27	g	1585	0	1590	39	0
28	5	1644	0	1592	39	0
28	f	1644	0	1592	35	0
29	6	1757	0	1708	53	0
29	e	1757	0	1708	53	0
30	7	1824	0	1829	48	0
30	a	1824	0	1829	54	0
31	X	1032	0	1015	19	0
32	Z	6289	0	6236	129	0
33	V	2236	0	2242	81	0
All	All	105787	0	106130	2162	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 10.

The worst 5 of 2162 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)
11:N:25:LEU:HB3	11:N:29:ASN:HB2	1.63	0.80
18:M:162:GLU:HG2	18:M:166:ARG:HG2	1.64	0.80
5:h:133:ALA:H	5:h:137:ILE:HD11	1.47	0.79
9:D:63:LYS:HE2	9:D:76:SER:HB2	1.64	0.76
32:Z:233:LEU:HB3	32:Z:271:ILE:HD11	1.66	0.75

There are no symmetry-related clashes.

5.3 Torsion angles ⓘ

5.3.1 Protein backbone ⓘ

In the following table, the Percentiles column shows the percent Ramachandran outliers of the chain as a percentile score with respect to all 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	
1	I	360/437 (82%)	315 (88%)	44 (12%)	1 (0%)	36	72
2	K	379/428 (89%)	326 (86%)	53 (14%)	0	100	100
3	2	220/261 (84%)	210 (96%)	10 (4%)	0	100	100
3	i	220/261 (84%)	209 (95%)	11 (5%)	0	100	100
4	A	241/252 (96%)	228 (95%)	13 (5%)	0	100	100
4	c	241/252 (96%)	227 (94%)	14 (6%)	0	100	100
5	3	202/205 (98%)	190 (94%)	12 (6%)	0	100	100
5	h	202/205 (98%)	188 (93%)	13 (6%)	1 (0%)	24	63
6	G	243/288 (84%)	235 (97%)	8 (3%)	0	100	100
6	k	243/288 (84%)	233 (96%)	10 (4%)	0	100	100
7	F	231/234 (99%)	221 (96%)	10 (4%)	0	100	100
7	l	231/234 (99%)	221 (96%)	10 (4%)	0	100	100
8	E	241/260 (93%)	226 (94%)	15 (6%)	0	100	100
8	m	241/260 (93%)	227 (94%)	14 (6%)	0	100	100
9	D	240/254 (94%)	222 (92%)	18 (8%)	0	100	100
9	n	240/254 (94%)	226 (94%)	14 (6%)	0	100	100
10	Y	25/89 (28%)	23 (92%)	2 (8%)	0	100	100
11	N	843/945 (89%)	786 (93%)	57 (7%)	0	100	100
12	S	351/523 (67%)	313 (89%)	37 (10%)	1 (0%)	36	72
13	T	270/274 (98%)	231 (86%)	39 (14%)	0	100	100
14	R	398/429 (93%)	357 (90%)	40 (10%)	1 (0%)	36	72
15	Q	429/434 (99%)	393 (92%)	36 (8%)	0	100	100
16	J	371/405 (92%)	335 (90%)	35 (9%)	1 (0%)	36	72
17	L	359/437 (82%)	320 (89%)	38 (11%)	1 (0%)	36	72
18	M	363/434 (84%)	331 (91%)	31 (8%)	1 (0%)	36	72
19	U	278/338 (82%)	260 (94%)	18 (6%)	0	100	100
20	W	195/268 (73%)	182 (93%)	13 (7%)	0	100	100
21	O	385/393 (98%)	341 (89%)	43 (11%)	1 (0%)	36	72
22	P	430/445 (97%)	386 (90%)	44 (10%)	0	100	100
23	H	364/467 (78%)	311 (85%)	52 (14%)	1 (0%)	36	72

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
24	C	243/258 (94%)	228 (94%)	15 (6%)	0	100	100
24	d	243/258 (94%)	227 (93%)	16 (7%)	0	100	100
25	B	248/250 (99%)	234 (94%)	14 (6%)	0	100	100
25	j	248/250 (99%)	232 (94%)	16 (6%)	0	100	100
26	1	203/215 (94%)	185 (91%)	17 (8%)	1 (0%)	24	63
26	b	203/215 (94%)	184 (91%)	18 (9%)	1 (0%)	24	63
27	4	196/198 (99%)	186 (95%)	10 (5%)	0	100	100
27	g	196/198 (99%)	182 (93%)	14 (7%)	0	100	100
28	5	210/287 (73%)	200 (95%)	10 (5%)	0	100	100
28	f	210/287 (73%)	198 (94%)	12 (6%)	0	100	100
29	6	220/241 (91%)	204 (93%)	16 (7%)	0	100	100
29	e	220/241 (91%)	205 (93%)	15 (7%)	0	100	100
30	7	231/266 (87%)	215 (93%)	16 (7%)	0	100	100
30	a	231/266 (87%)	216 (94%)	15 (6%)	0	100	100
31	X	125/156 (80%)	113 (90%)	12 (10%)	0	100	100
32	Z	807/993 (81%)	716 (89%)	90 (11%)	1 (0%)	48	83
33	V	282/306 (92%)	234 (83%)	45 (16%)	3 (1%)	11	46
All	All	13352/15139 (88%)	12232 (92%)	1105 (8%)	15 (0%)	49	83

5 of 15 Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
17	L	332	THR
5	h	105	VAL
14	R	241	ILE
33	V	305	ILE
16	J	134	VAL

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.

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
1	I	319/385 (83%)	319 (100%)	0	100	100
2	K	334/374 (89%)	334 (100%)	0	100	100
3	2	181/214 (85%)	181 (100%)	0	100	100
3	i	181/214 (85%)	181 (100%)	0	100	100
4	A	207/210 (99%)	207 (100%)	0	100	100
4	c	207/210 (99%)	207 (100%)	0	100	100
5	3	172/173 (99%)	172 (100%)	0	100	100
5	h	172/173 (99%)	172 (100%)	0	100	100
6	G	201/239 (84%)	201 (100%)	0	100	100
6	k	201/239 (84%)	201 (100%)	0	100	100
7	F	192/193 (100%)	192 (100%)	0	100	100
7	l	192/193 (100%)	192 (100%)	0	100	100
8	E	199/215 (93%)	199 (100%)	0	100	100
8	m	199/215 (93%)	199 (100%)	0	100	100
9	D	214/226 (95%)	214 (100%)	0	100	100
9	n	214/226 (95%)	214 (100%)	0	100	100
10	Y	26/81 (32%)	26 (100%)	0	100	100
11	N	713/797 (90%)	713 (100%)	0	100	100
12	S	330/489 (68%)	330 (100%)	0	100	100
13	T	254/256 (99%)	254 (100%)	0	100	100
14	R	351/379 (93%)	351 (100%)	0	100	100
15	Q	388/391 (99%)	388 (100%)	0	100	100
16	J	325/352 (92%)	325 (100%)	0	100	100
17	L	308/377 (82%)	308 (100%)	0	100	100
18	M	315/375 (84%)	315 (100%)	0	100	100
19	U	256/308 (83%)	256 (100%)	0	100	100
20	W	171/230 (74%)	171 (100%)	0	100	100
21	O	363/368 (99%)	363 (100%)	0	100	100
22	P	405/415 (98%)	405 (100%)	0	100	100
23	H	314/399 (79%)	313 (100%)	1 (0%)	86	85
24	C	204/216 (94%)	204 (100%)	0	100	100
24	d	204/216 (94%)	204 (100%)	0	100	100

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
25	B	209/209 (100%)	209 (100%)	0	100	100
25	j	209/209 (100%)	209 (100%)	0	100	100
26	1	169/178 (95%)	169 (100%)	0	100	100
26	b	168/178 (94%)	168 (100%)	0	100	100
27	4	175/175 (100%)	175 (100%)	0	100	100
27	g	175/175 (100%)	175 (100%)	0	100	100
28	5	169/235 (72%)	169 (100%)	0	100	100
28	f	169/235 (72%)	169 (100%)	0	100	100
29	6	185/201 (92%)	185 (100%)	0	100	100
29	e	185/201 (92%)	185 (100%)	0	100	100
30	7	199/224 (89%)	199 (100%)	0	100	100
30	a	199/224 (89%)	199 (100%)	0	100	100
31	X	116/144 (81%)	116 (100%)	0	100	100
32	Z	692/850 (81%)	692 (100%)	0	100	100
33	V	249/268 (93%)	249 (100%)	0	100	100
All	All	11580/13054 (89%)	11579 (100%)	1 (0%)	100	100

All (1) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
23	H	185	LEU

Sometimes sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. 5 of 189 such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
7	F	166	GLN
28	5	251	ASN
9	D	162	GLN
3	2	138	HIS
29	6	178	GLN

5.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

5.5 Carbohydrates [i](#)

There are no oligosaccharides in this entry.

5.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

5.7 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

6 Map visualisation [i](#)

This section contains visualisations of the EMDB entry EMD-6693. These allow visual inspection of the internal detail of the map and identification of artifacts.

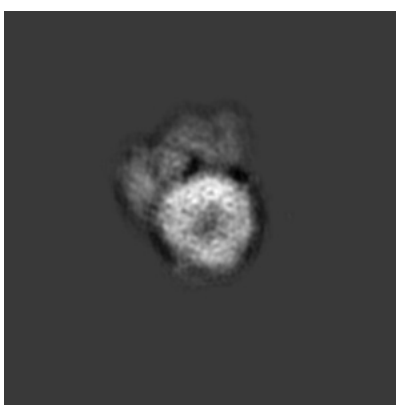
No raw map or half-maps were deposited for this entry and therefore no images, graphs, etc. pertaining to the raw map can be shown.

6.1 Orthogonal projections [i](#)

6.1.1 Primary map



X



Y

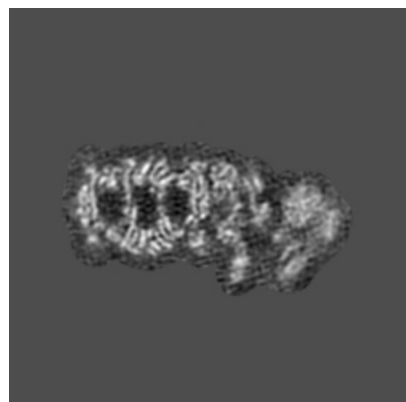


Z

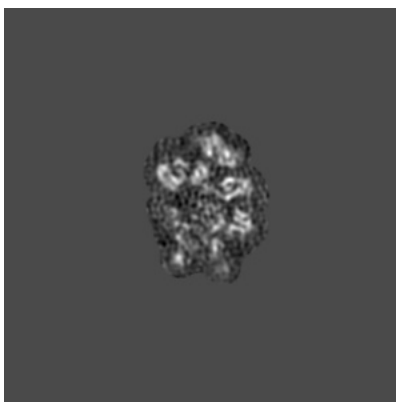
The images above show the map projected in three orthogonal directions.

6.2 Central slices [i](#)

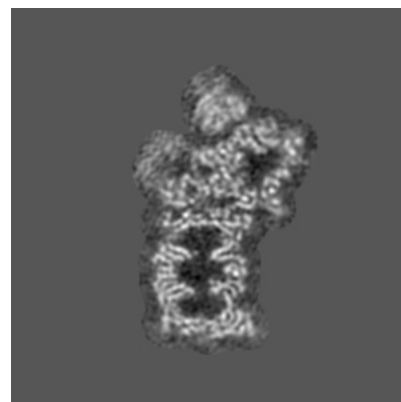
6.2.1 Primary map



X Index: 180



Y Index: 180

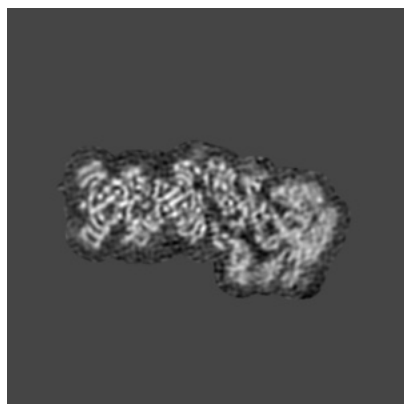


Z Index: 180

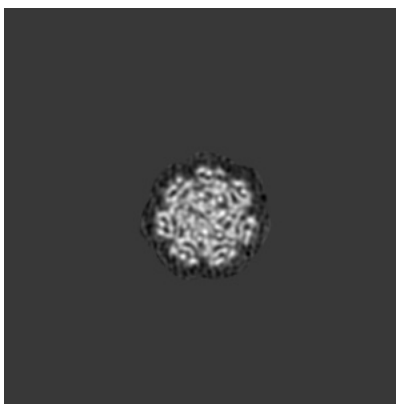
The images above show central slices of the map in three orthogonal directions.

6.3 Largest variance slices [i](#)

6.3.1 Primary map



X Index: 192



Y Index: 77

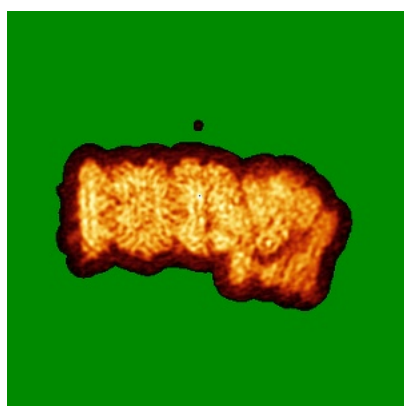


Z Index: 182

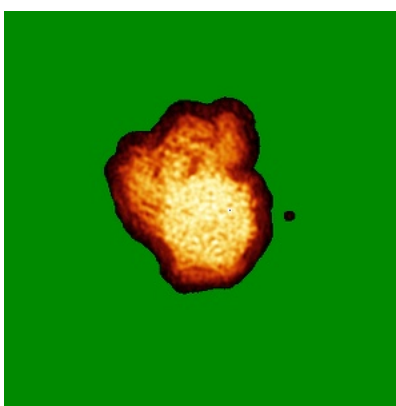
The images above show the largest variance slices of the map in three orthogonal directions.

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

6.4.1 Primary map



X



Y

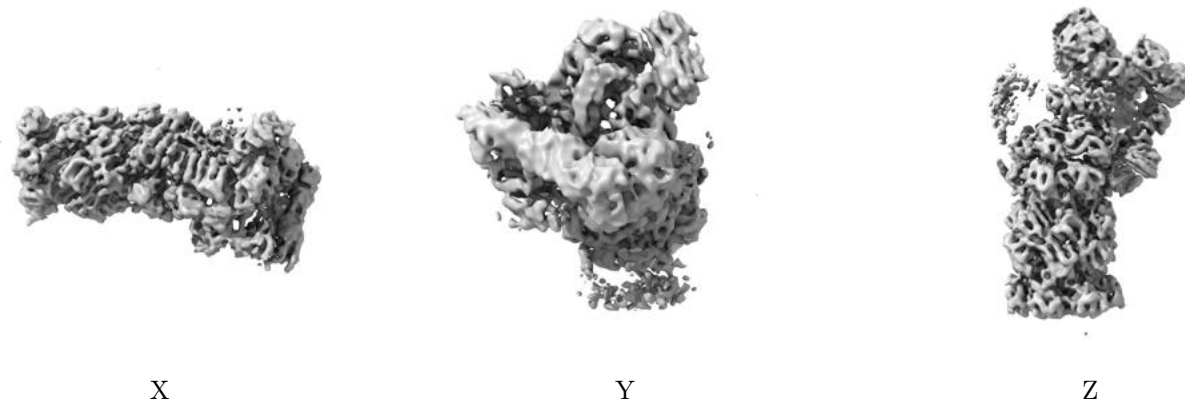


Z

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 0.755. These images, in conjunction with the slice images, may facilitate assessment of whether an appropriate contour level has been provided.

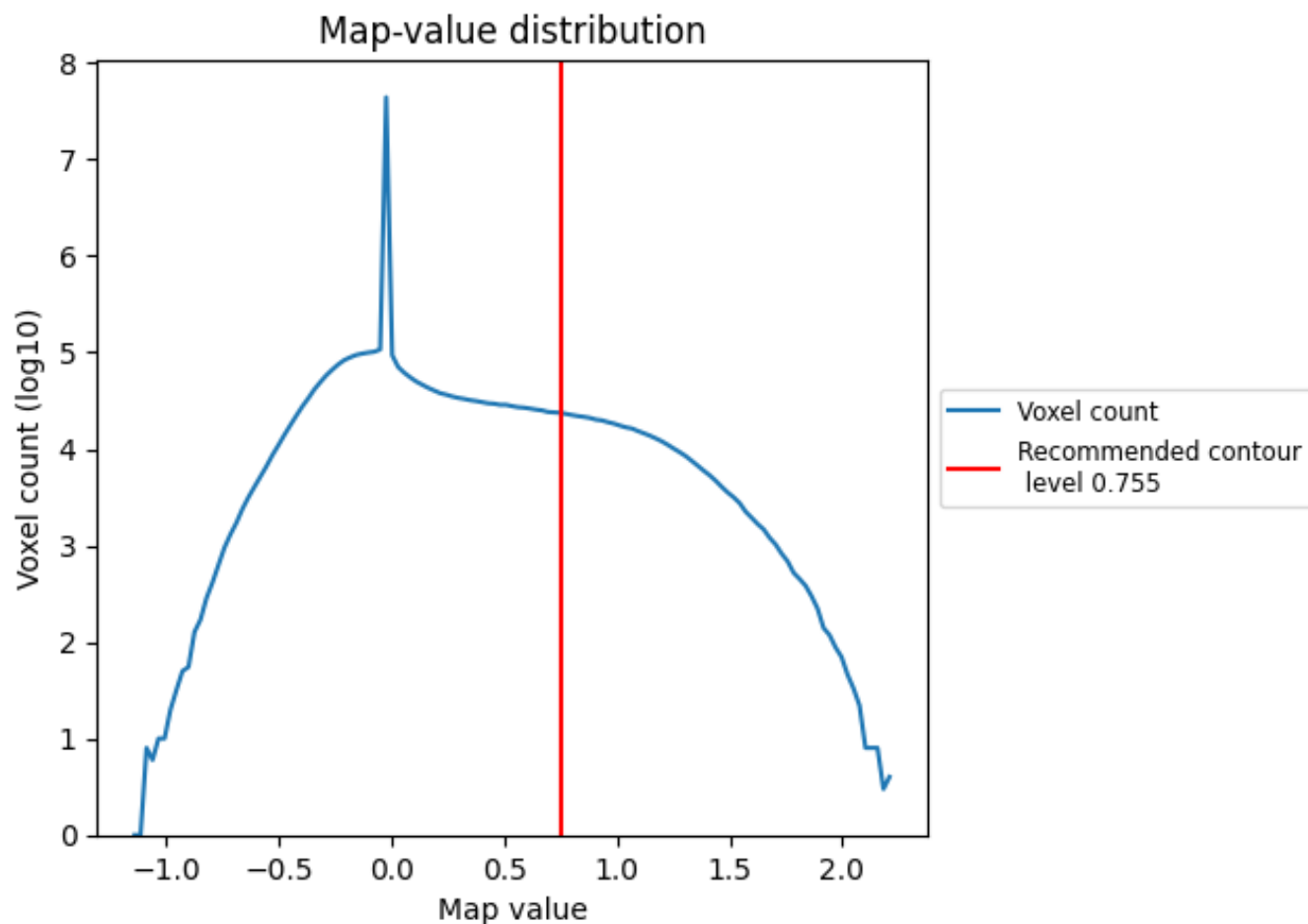
6.6 Mask visualisation [i](#)

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

7 Map analysis [i](#)

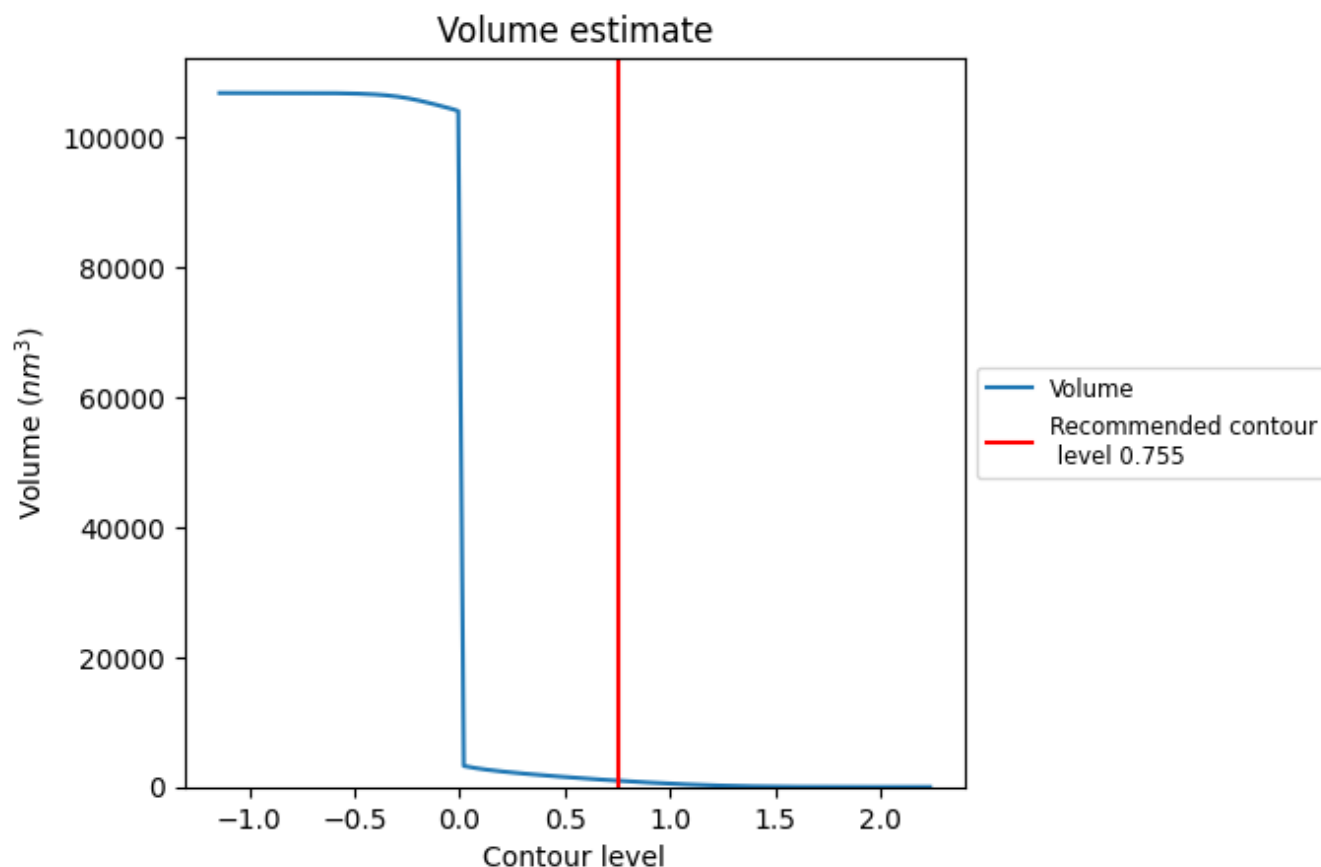
This section contains the results of statistical analysis of the map.

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.

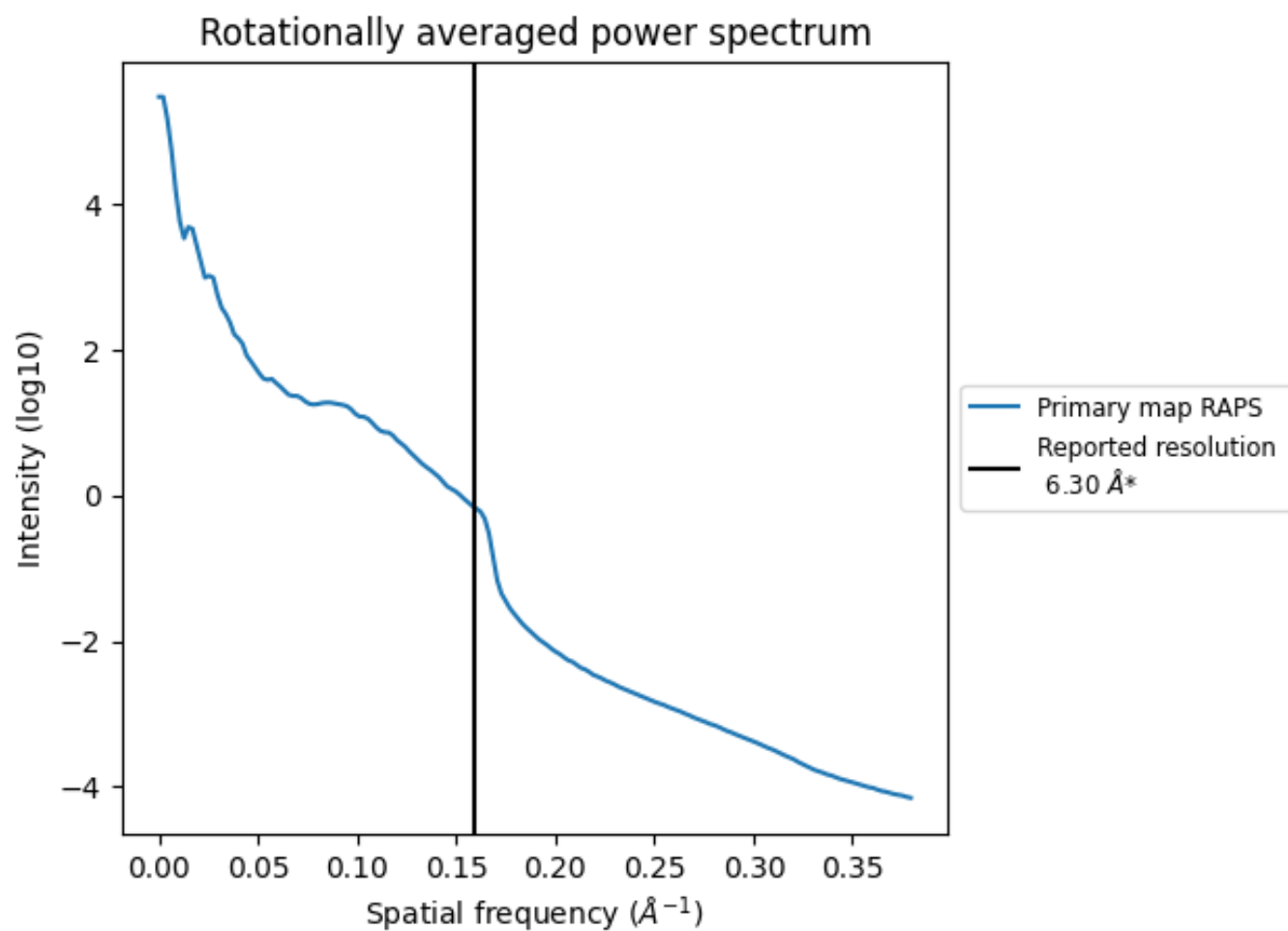
7.2 Volume estimate [i](#)



The volume at the recommended contour level is 959 nm³; this corresponds to an approximate mass of 866 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 0.159 Å⁻¹

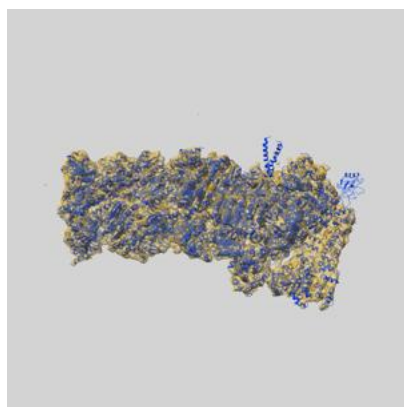
8 Fourier-Shell correlation

This section was not generated. No FSC curve or half-maps provided.

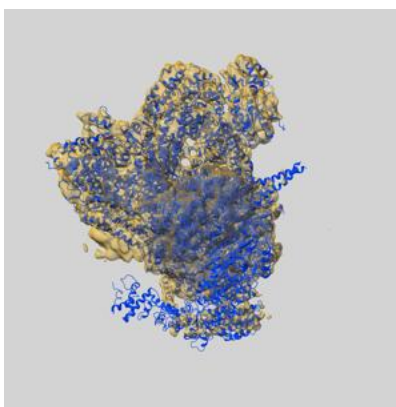
9 Map-model fit [i](#)

This section contains information regarding the fit between EMDB map EMD-6693 and PDB model 5WVI. Per-residue inclusion information can be found in section 3 on page 11.

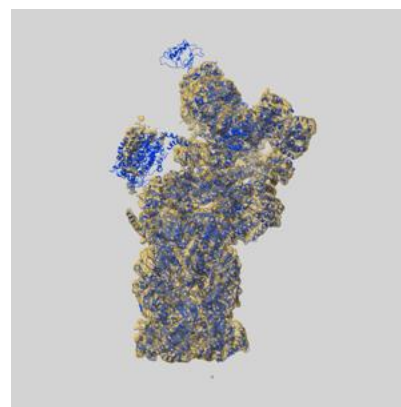
9.1 Map-model overlay [i](#)



X



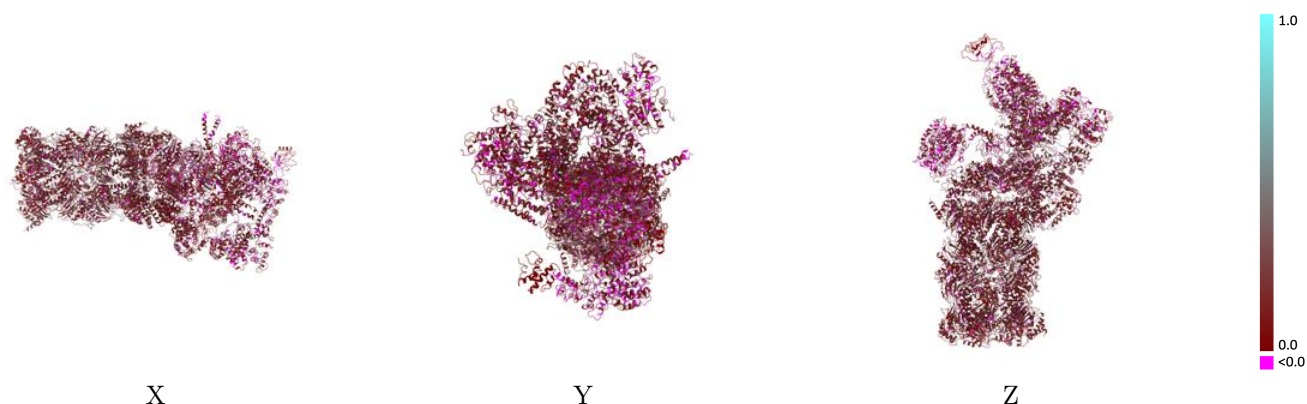
Y



Z

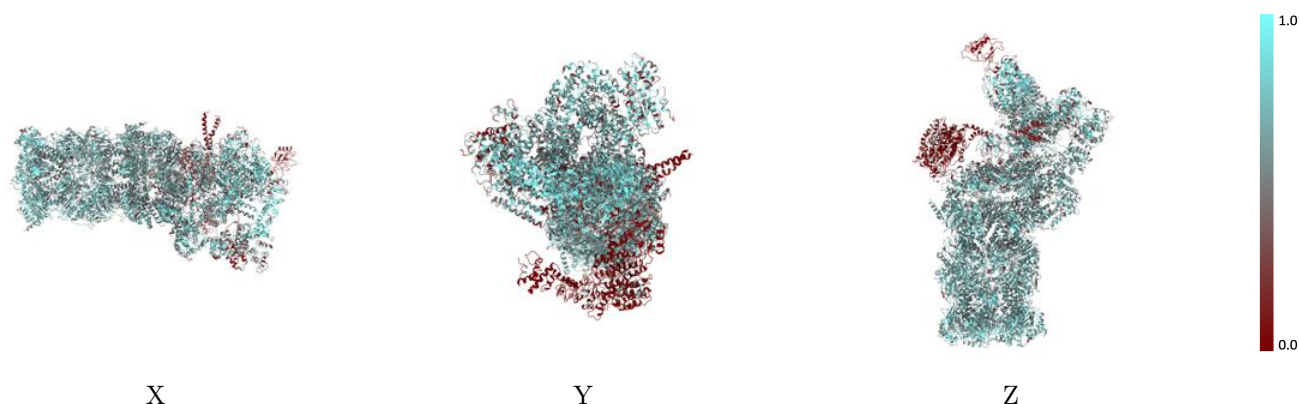
The images above show the 3D surface view of the map at the recommended contour level 0.755 at 50% transparency in yellow overlaid with a ribbon representation of the model coloured in blue. These images allow for the visual assessment of the quality of fit between the atomic model and the map.

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



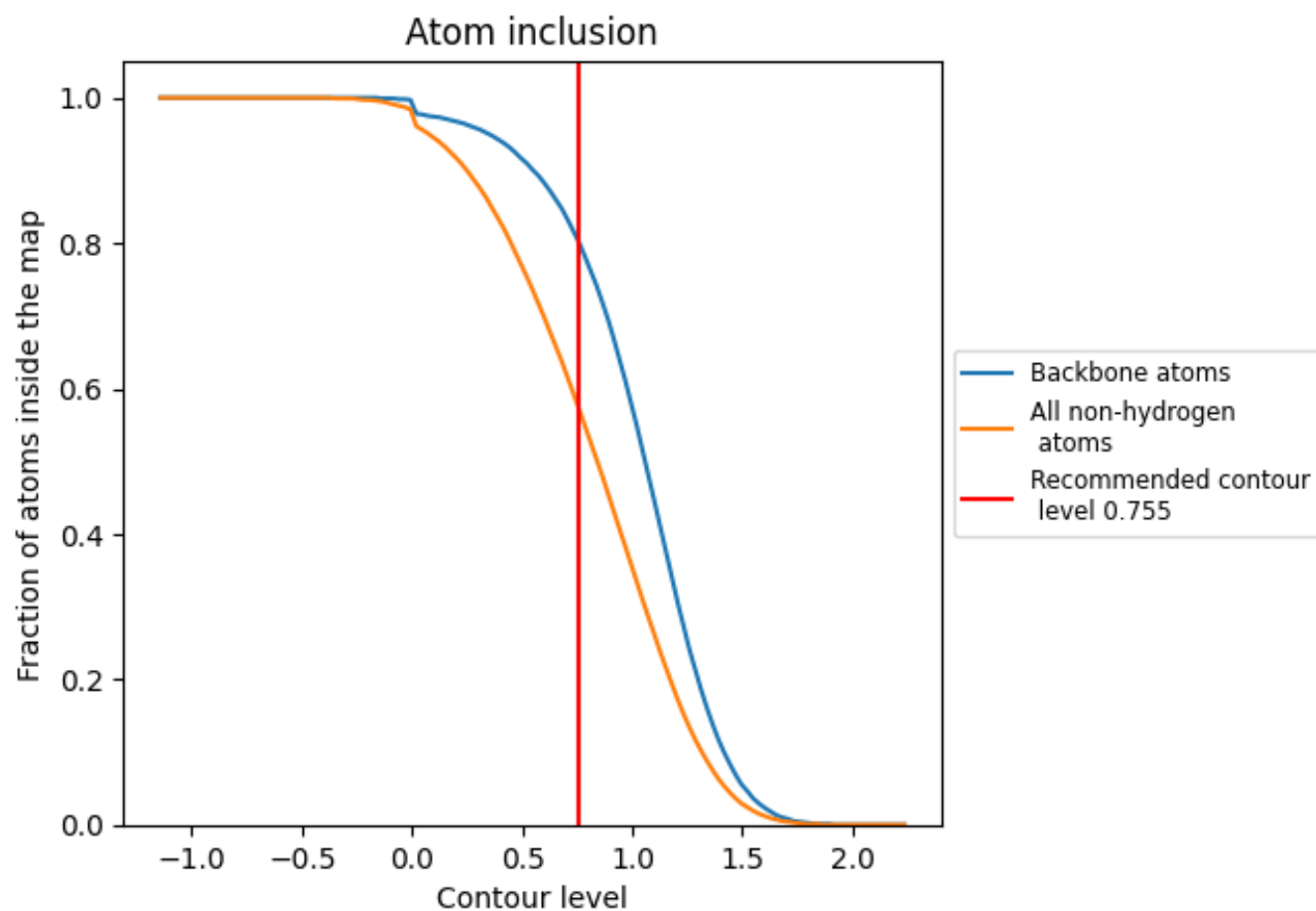
The images above show the model with each residue coloured according to its Q-score. This shows their resolvability in the map with higher Q-score values reflecting better resolvability. Please note: Q-score is calculating the resolvability of atoms, and thus high values are only expected at resolutions 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 (0.755).

9.4 Atom inclusion [i](#)



At the recommended contour level, 80% 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 (0.755) and Q-score for the entire model and for each chain.

Chain	Atom inclusion	Q-score
All	 0.5750	 0.1400
1	 0.6150	 0.1510
2	 0.6520	 0.1760
3	 0.6420	 0.1510
4	 0.6490	 0.1670
5	 0.6430	 0.1550
6	 0.6460	 0.1600
7	 0.6290	 0.1730
A	 0.6070	 0.1720
B	 0.5830	 0.1580
C	 0.6190	 0.1490
D	 0.6500	 0.1610
E	 0.6190	 0.1520
F	 0.6280	 0.1530
G	 0.6110	 0.1600
H	 0.5320	 0.1330
I	 0.5360	 0.1430
J	 0.5500	 0.1370
K	 0.5560	 0.1460
L	 0.5420	 0.1380
M	 0.5480	 0.1460
N	 0.6810	 0.1050
O	 0.6000	 0.1270
P	 0.5960	 0.1430
Q	 0.6190	 0.1520
R	 0.6010	 0.1280
S	 0.5630	 0.1330
T	 0.3940	 0.1160
U	 0.6130	 0.1370
V	 0.5800	 0.1280
W	 0.6060	 0.1200
X	 0.0000	 0.0040
Y	 0.5830	 0.1600
Z	 0.0600	 0.0640
a	 0.6350	 0.1700



Continued on next page...

Continued from previous page...

Chain	Atom inclusion	Q-score
b	 0.6300	 0.1500
c	 0.6810	 0.1640
d	 0.6780	 0.1490
e	 0.6680	 0.1670
f	 0.6680	 0.1560
g	 0.6530	 0.1580
h	 0.6710	 0.1500
i	 0.6710	 0.1860
j	 0.6740	 0.1650
k	 0.6660	 0.1550
l	 0.6720	 0.1540
m	 0.6670	 0.1530
n	 0.6880	 0.1530