



Full wwPDB EM Validation Report ⓘ

May 17, 2025 – 08:13 PM EDT

PDB ID : 8ETI / pdb_00008eti
EMDB ID : EMD-24395
Title : Fkbp39 associated 60S nascent ribosome State 1
Authors : Zhou, X.; Bilokapic, S.; Deshmukh, A.A.; Halic, M.
Deposited on : 2022-10-17
Resolution : 3.70 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:

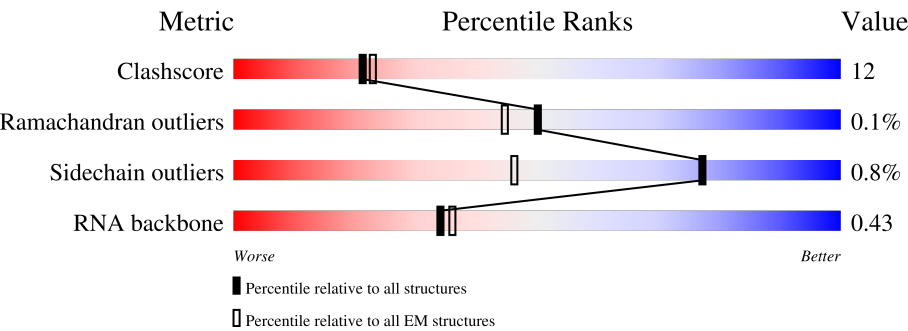
EMDB validation analysis : 0.0.1.dev118
MolProbity : 4-5-2 with Phenix2.0rc1
Percentile statistics : 20231227.v01 (using entries in the PDB archive December 27th 2023)
MapQ : 1.9.13
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.43.1

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 3.70 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)
Clashscore	210492	15764
Ramachandran outliers	207382	16835
Sidechain outliers	206894	16415
RNA backbone	6643	2191

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	3497	<div><div>6%</div><div>21%19%5%55%</div></div>
2	2	165	<div><div>7%</div><div>39%41%12%8%</div></div>
3	3	302	<div><div>58%</div><div>48%15%37%</div></div>
4	4	217	<div><div>96%</div><div>62%33%</div></div>
5	5	387	<div><div>88%</div><div>57%31%12%</div></div>
6	6	300	<div><div>27%</div><div>7%13%7%73%</div></div>
7	A	295	<div><div>85%</div><div>76%10%14%</div></div>

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
8	B	388	
9	C	363	
10	D	578	
11	E	195	
12	F	250	
13	G	259	
14	H	190	
15	J	333	
16	K	373	
17	L	208	
18	M	134	
19	N	201	
20	O	197	
21	P	187	
22	Q	187	
23	S	176	
24	V	139	
25	W	241	
26	X	141	
27	Y	126	
28	b	642	
29	d	113	
30	e	127	
31	f	108	
32	h	122	

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
33	i	99	
34	j	91	
35	m	740	
36	n	607	
37	o	276	
38	r	260	
39	t	249	
40	u	192	
41	v	209	
42	x	306	
43	y	244	
44	z	117	
45	T	160	

2 Entry composition

There are 46 unique types of molecules in this entry. The entry contains 90456 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 RNA (1564-MER).

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
1	1	1579	Total	C	N	O	P	0	0
			33816	15104	6144	10989	1579		

There are 3 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
1	501	G	U	conflict	GB 157310483
1	503	U	G	conflict	GB 157310483
1	2930	U	C	conflict	GB 157310483

- Molecule 2 is a RNA chain called RNA (152-MER).

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
2	2	152	Total	C	N	O	P	0	0
			3229	1445	568	1064	152		

- Molecule 3 is a protein called Protein mak16.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
3	3	190	Total	C	N	O	S	0	0
			1576	999	299	272	6		

- Molecule 4 is a protein called Ribosomal RNA-processing protein 1 homolog.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
4	4	209	Total	C	N	O	S	0	0
			1762	1149	301	304	8		

- Molecule 5 is a protein called Ribosome biogenesis protein nsa1.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
5	5	340	Total	C	N	O	S	0	0
			2686	1716	468	491	11		

- Molecule 6 is a RNA chain called RNA (125-MER).

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
6	6	81	Total	C	N	O	P	0	0
			1717	770	296	570	81		

- Molecule 7 is a protein called Ribosome biogenesis protein brx1.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
7	A	254	Total	C	N	O	S	0	0
			1427	856	285	285	1		

- Molecule 8 is a protein called 60S ribosomal protein L3-A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
8	B	332	Total	C	N	O	S	0	0
			2641	1676	488	468	9		

- Molecule 9 is a protein called 60S ribosomal protein L4-B.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
9	C	328	Total	C	N	O	S	0	0
			2571	1631	486	450	4		

- Molecule 10 is a protein called ATP-dependent RNA helicase has1.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
10	D	391	Total	C	N	O	0	0
			1931	1149	391	391		

- Molecule 11 is a protein called 60S ribosomal protein L6.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
11	E	170	Total	C	N	O	S	0	0
			1328	854	243	228	3		

- Molecule 12 is a protein called 60S ribosomal protein L7-B.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
12	F	239	Total	C	N	O	S	0	0
			1939	1247	355	334	3		

- Molecule 13 is a protein called 60S ribosomal protein L8.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
13	G	186	Total	C	N	O	S	0	0
			1464	938	264	260	2		

- Molecule 14 is a protein called 60S ribosomal protein L9-A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
14	H	183	Total	C	N	O		0	0
			902	536	183	183			

- Molecule 15 is a protein called Probable rRNA-processing protein ebp2.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
15	J	113	Total	C	N	O		0	0
			564	338	113	113			

- Molecule 16 is a protein called Putative ribosome biogenesis protein C8F11.04.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
16	K	240	Total	C	N	O		0	0
			1190	710	240	240			

- Molecule 17 is a protein called 60S ribosomal protein L13.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
17	L	115	Total	C	N	O	S	0	0
			938	590	197	150	1		

- Molecule 18 is a protein called 60S ribosomal protein L14.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
18	M	125	Total	C	N	O	S	0	0
			1007	644	191	168	4		

- Molecule 19 is a protein called 60S ribosomal protein L15-A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
19	N	166	Total	C	N	O	S	0	0
			1401	877	291	230	3		

- Molecule 20 is a protein called 60S ribosomal protein L16-B.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
20	O	196	Total	C	N	O	S	0	0
			1557	999	297	257	4		

- Molecule 21 is a protein called 60S ribosomal protein L17-A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
21	P	147	Total	C	N	O	S	0	0
			1154	733	209	209	3		

- Molecule 22 is a protein called 60S ribosomal protein L18-A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
22	Q	136	Total	C	N	O	S	0	0
			1057	664	205	187	1		

- Molecule 23 is a protein called 60S ribosomal protein L20-A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
23	S	167	Total	C	N	O	S	0	0
			1395	900	262	228	5		

- Molecule 24 is a protein called 60S ribosomal protein L23-A.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
24	V	127	Total	C	N	O	0	0
			624	369	127	128		

- Molecule 25 is a protein called Ribosome assembly factor mrt4.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
25	W	173	Total	C	N	O	0	0
			850	504	173	173		

- Molecule 26 is a protein called 60S ribosomal protein L25-A.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
26	X	122	Total	C	N	O	0	0
			750	457	153	140		

- Molecule 27 is a protein called 60S ribosomal protein L26.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
27	Y	125	Total	C	N	O	S	0	0
			998	622	201	173	2		

- Molecule 28 is a protein called Probable nucleolar GTP-binding protein 1.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
28	b	391	Total	C	N	O	0	0
			1939	1157	391	391		

- Molecule 29 is a protein called 60S ribosomal protein L31.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
29	d	97	Total	C	N	O	0	0
			483	289	97	97		

- Molecule 30 is a protein called 60S ribosomal protein L32-A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
30	e	123	Total	C	N	O	S	0	0
			986	616	201	164	5		

- Molecule 31 is a protein called 60S ribosomal protein L33-B.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
31	f	106	Total	C	N	O	S	0	0
			839	534	162	140	3		

- Molecule 32 is a protein called 60S ribosomal protein L35.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
32	h	120	Total	C	N	O	0	0
			994	626	193	175		

- Molecule 33 is a protein called 60S ribosomal protein L36-B.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
33	i	85	Total	C	N	O	S	0	0
			696	431	148	116	1		

- Molecule 34 is a protein called 60S ribosomal protein L37-B.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
34	j	71	Total	C	N	O	S	0	0
			563	346	121	90	6		

- Molecule 35 is a protein called Ribosome biogenesis protein erb1.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
35	m	121	Total	C	N	O		0	0
			859	529	163	167			

- Molecule 36 is a protein called Pescadillo homolog.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
36	n	369	Total	C	N	O	S	0	0
			2215	1369	430	415	1		

- Molecule 37 is a protein called Uncharacterized RNA-binding protein C1827.05c.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
37	o	134	Total	C	N	O		0	0
			666	398	134	134			

- Molecule 38 is a protein called Ribosome biogenesis protein nsa2.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
38	r	166	Total	C	N	O		0	0
			823	490	166	167			

- Molecule 39 is a protein called 60S ribosomal protein L7-A.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
39	t	225	Total	C	N	O		0	0
			1115	664	225	226			

- Molecule 40 is a protein called Ribosome biogenesis protein rlp24.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
40	u	110	Total	C	N	O		0	0
			546	326	110	110			

- Molecule 41 is a protein called Nucleolar protein 16.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
41	v	161	Total	C	N	O	S	0	0
			1299	818	243	235	3		

- Molecule 42 is a protein called Brix domain-containing protein C4F8.04.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
42	x	303	Total	C	N	O	S	0	0
			2503	1570	460	465	8		

- Molecule 43 is a protein called Eukaryotic translation initiation factor 6.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
43	y	225	Total	C	N	O		0	0
			1107	657	225	225			

- Molecule 44 is a protein called UPF0642 protein C32H8.05.

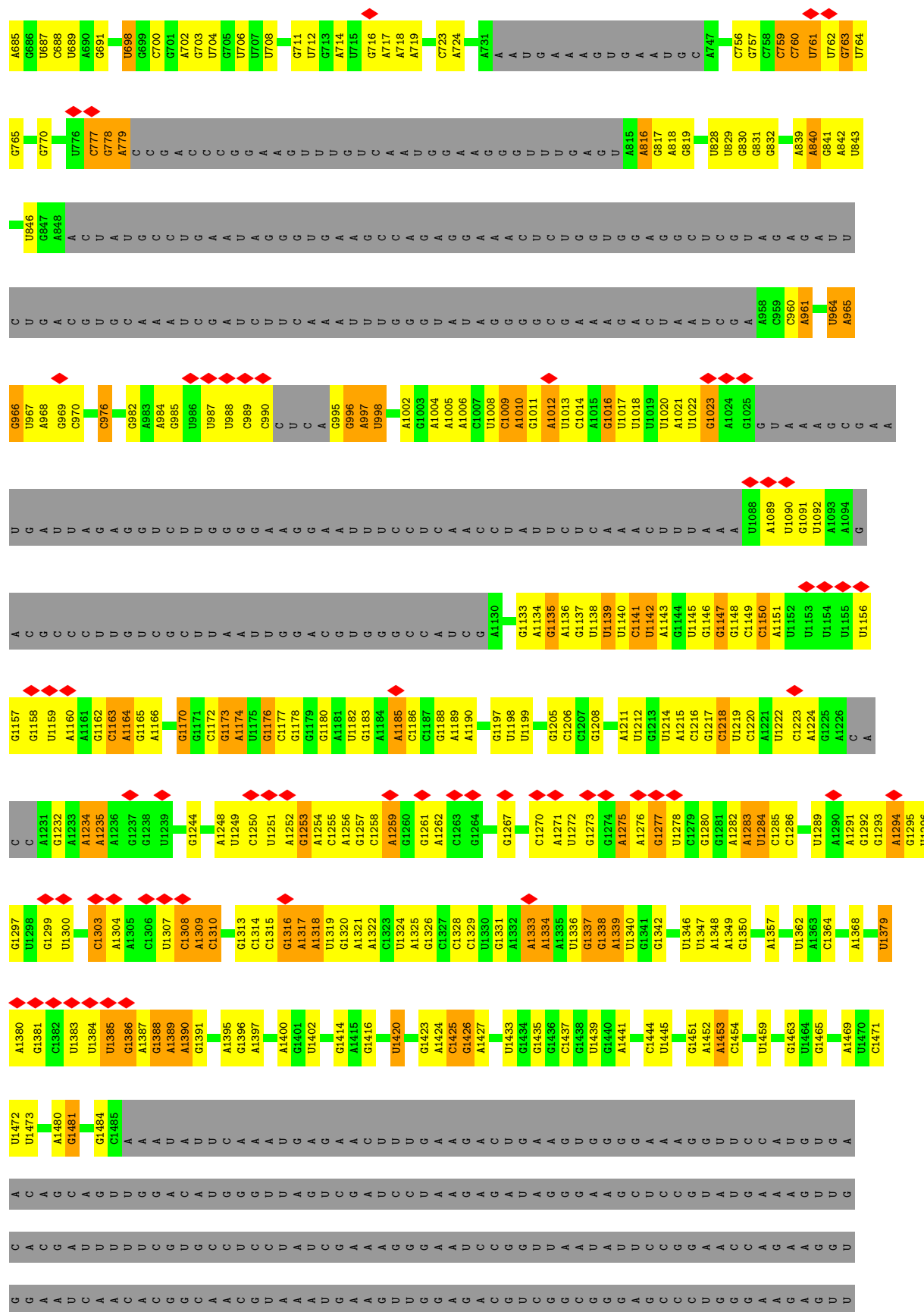
Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
44	z	35	Total	C	N	O		0	0
			173	103	35	35			

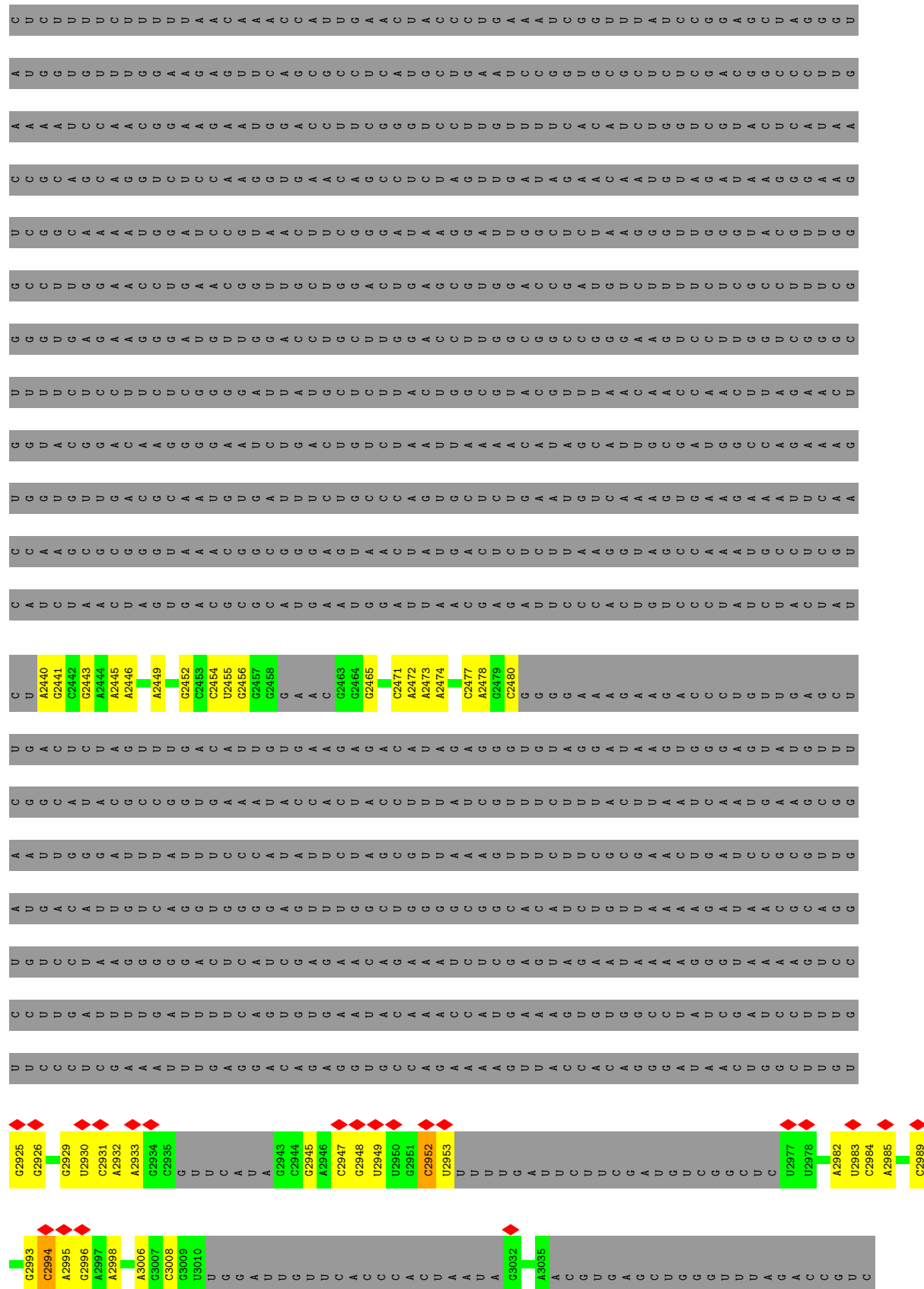
- Molecule 45 is a protein called 60S ribosomal protein L21-A.

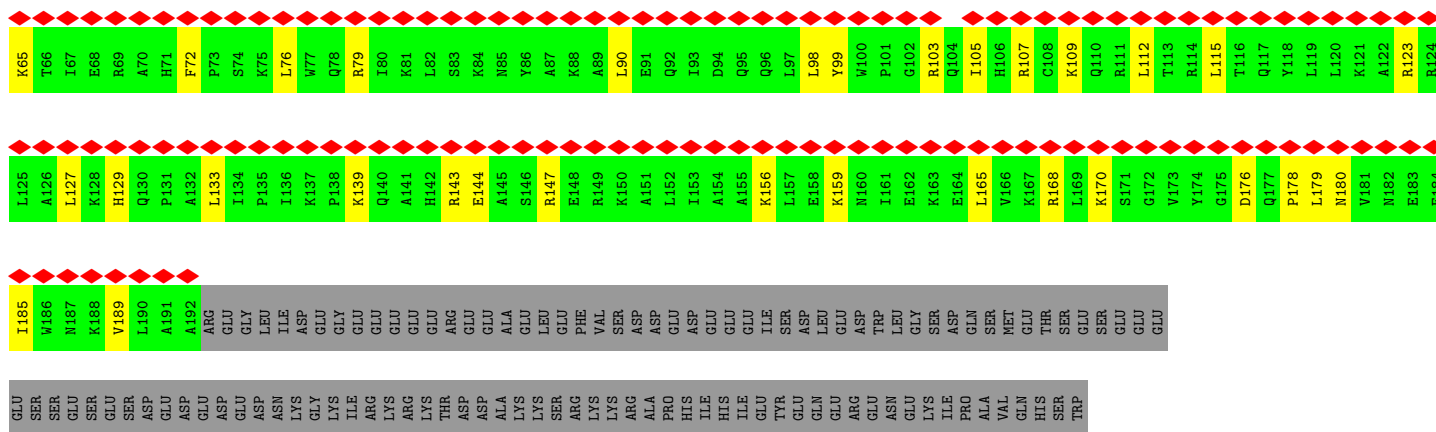
Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
45	T	23	Total	C	N	O		0	0
			175	111	31	33			

- Molecule 46 is ZINC ION (CCD ID: ZN) (formula: Zn).

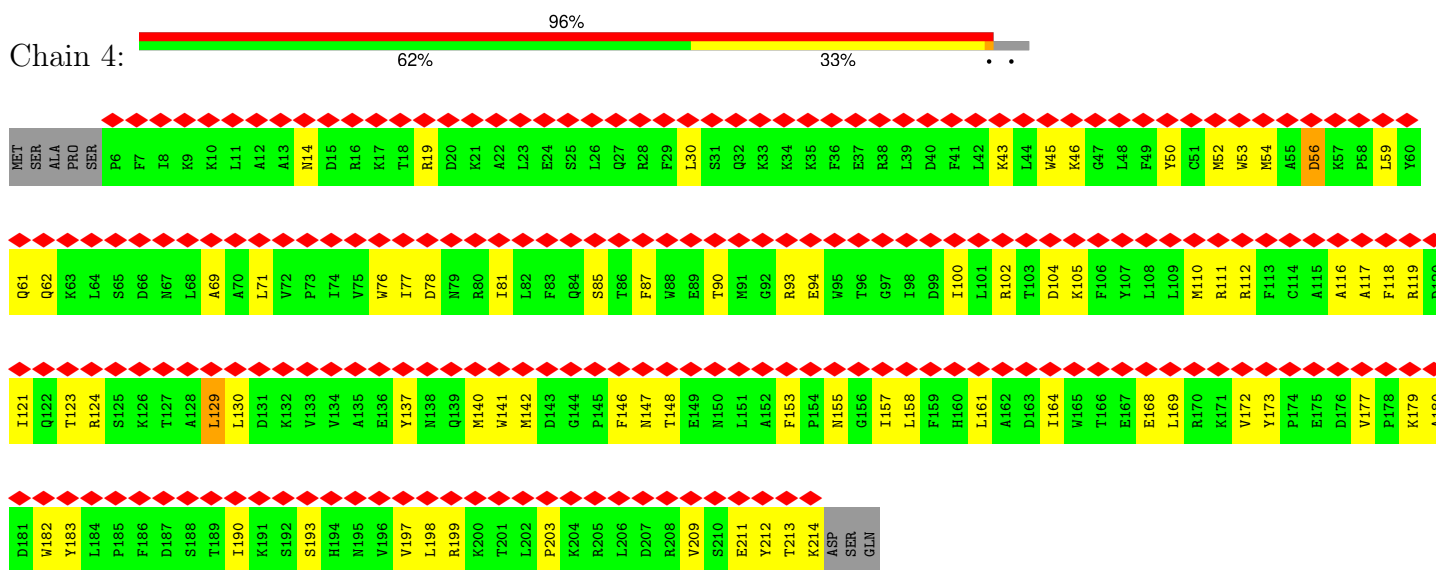
Mol	Chain	Residues	Atoms		AltConf
46	j	1	Total	Zn	0
			1	1	



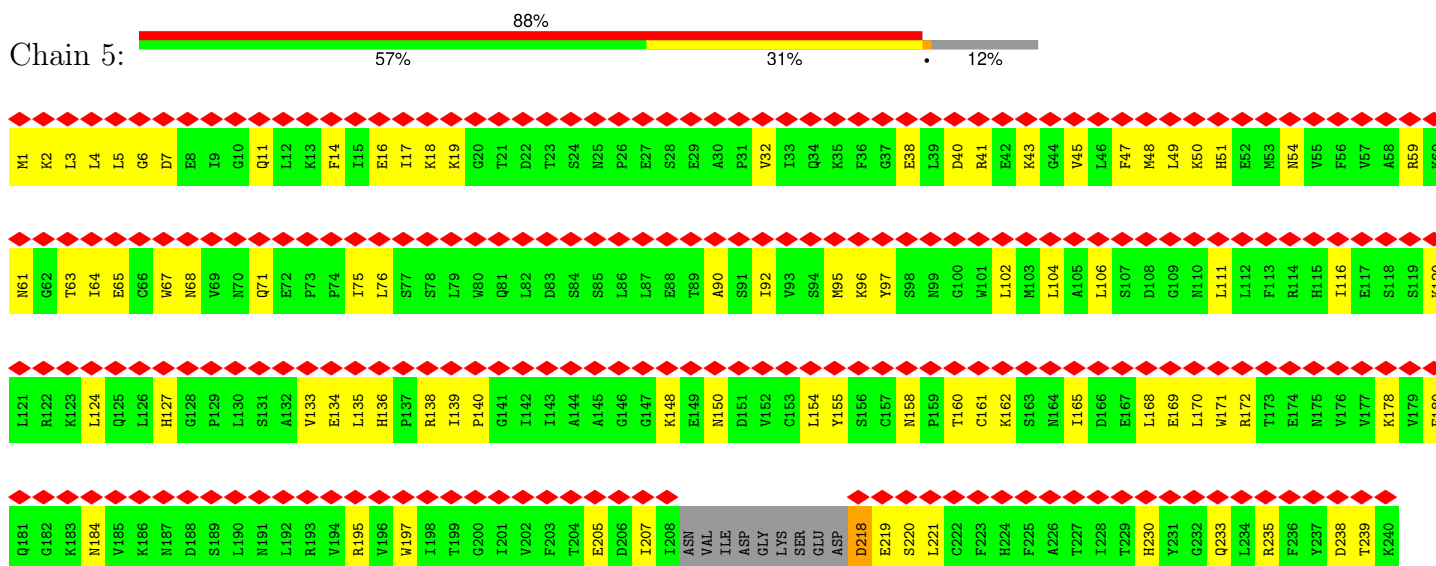


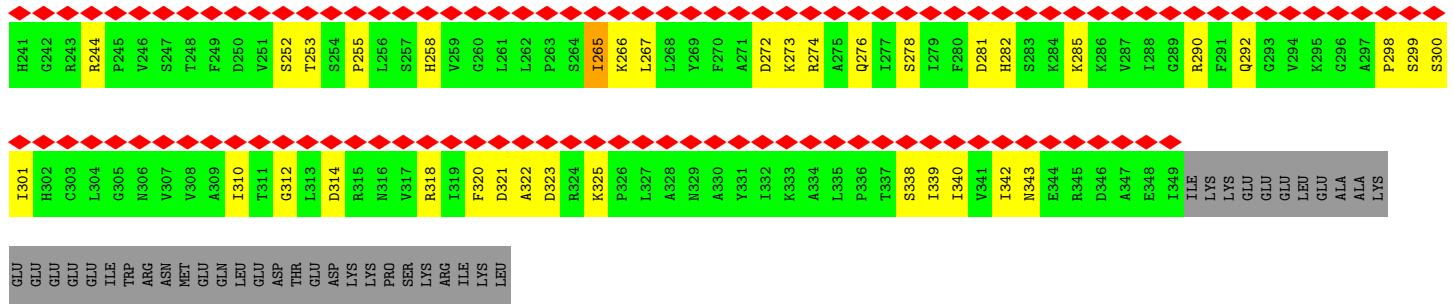


• Molecule 4: Ribosomal RNA-processing protein 1 homolog

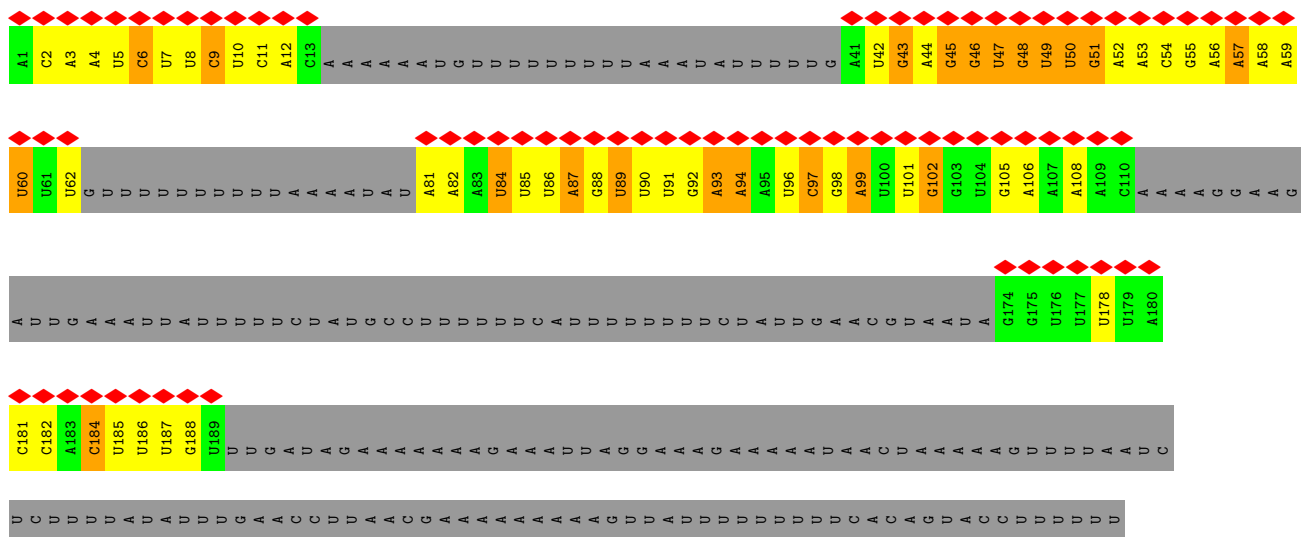


• Molecule 5: Ribosome biogenesis protein nsal

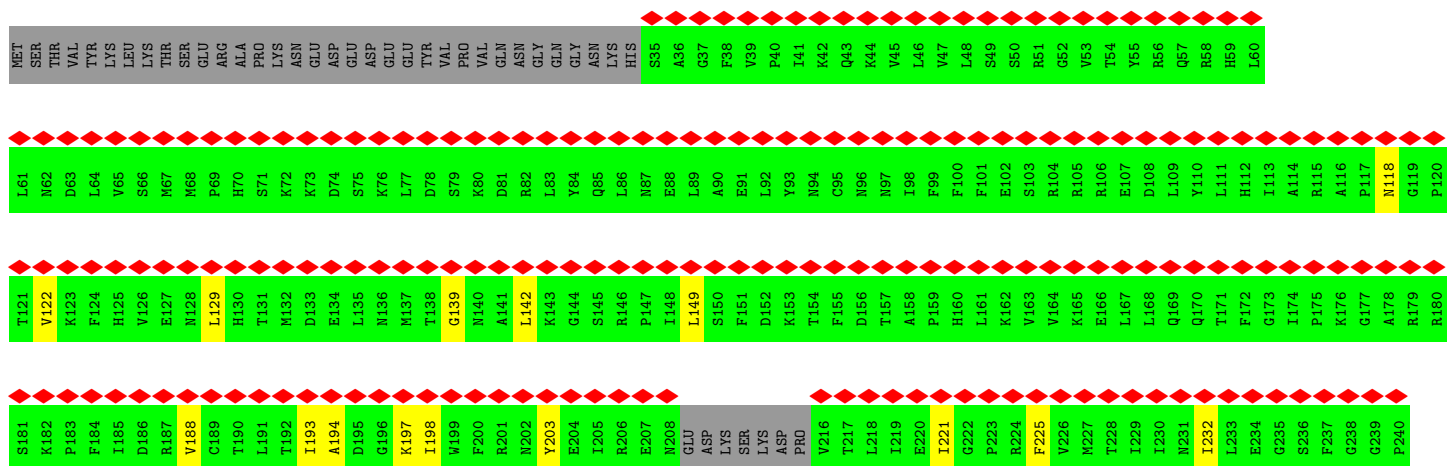
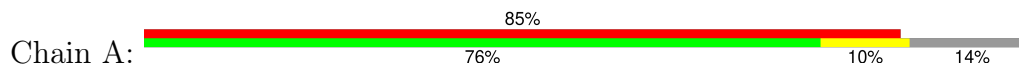


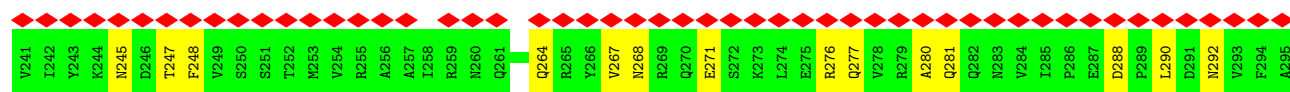


• Molecule 6: RNA (125-MER)

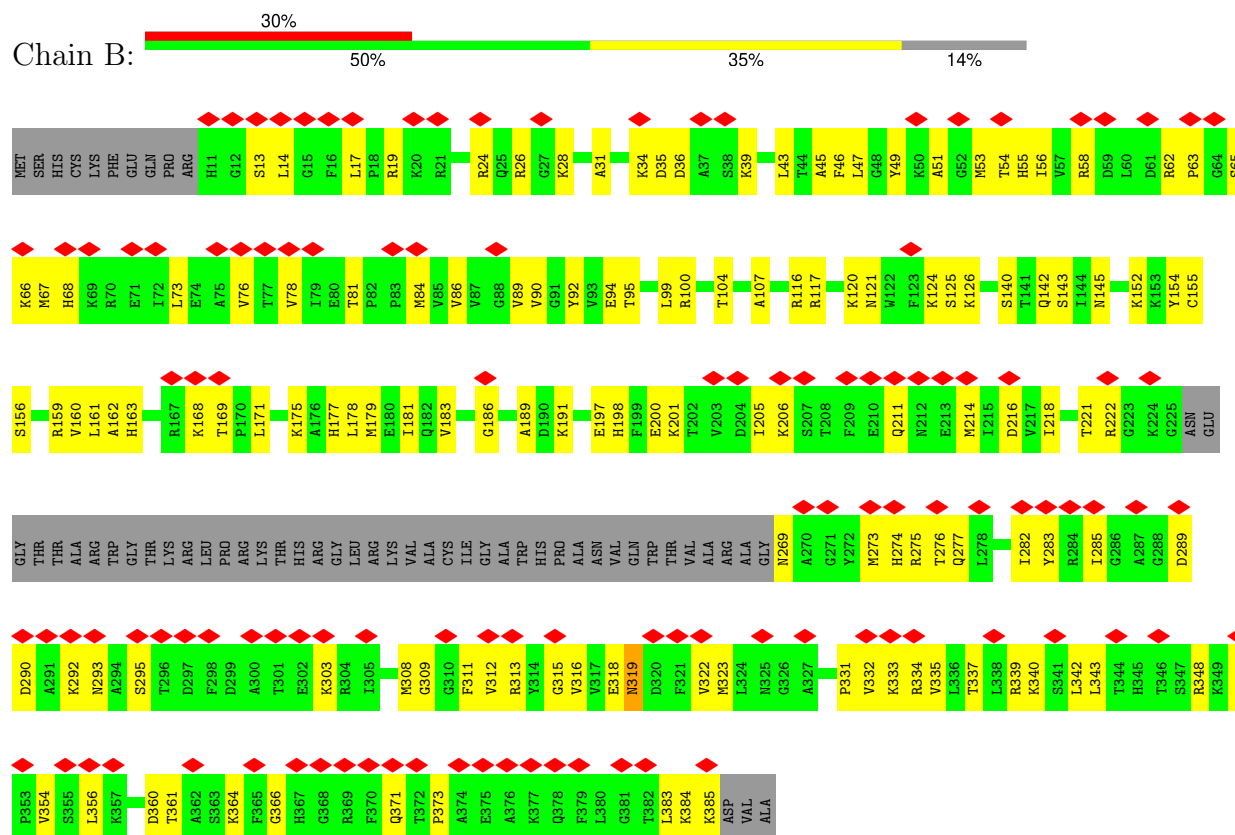


• Molecule 7: Ribosome biogenesis protein brx1

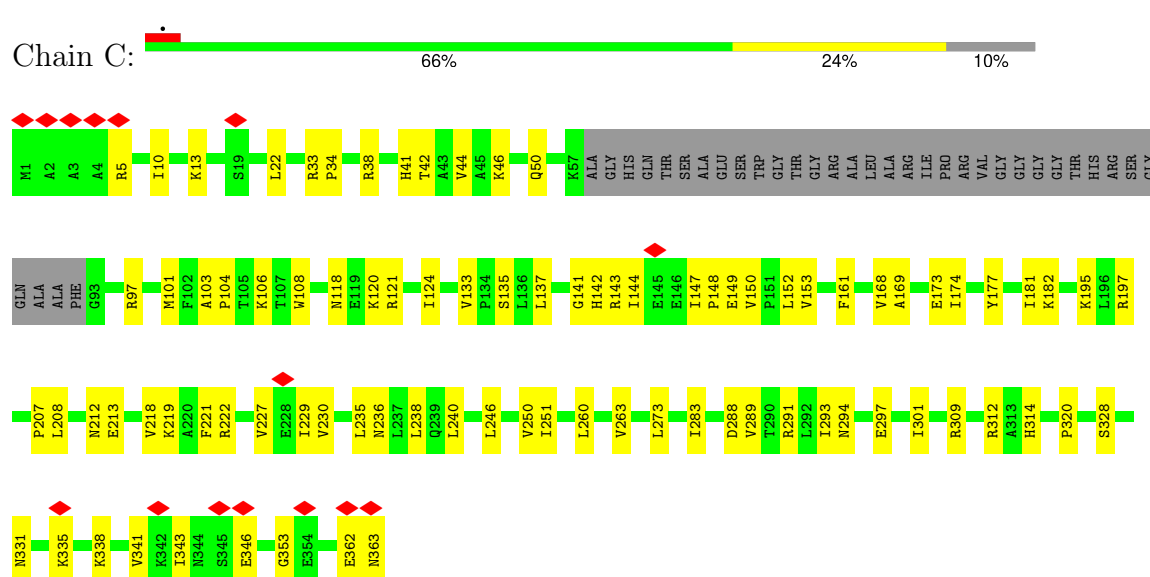




• Molecule 8: 60S ribosomal protein L3-A



• Molecule 9: 60S ribosomal protein L4-B

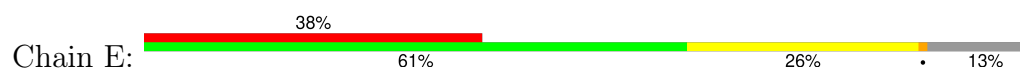


• Molecule 10: ATP-dependent RNA helicase has1



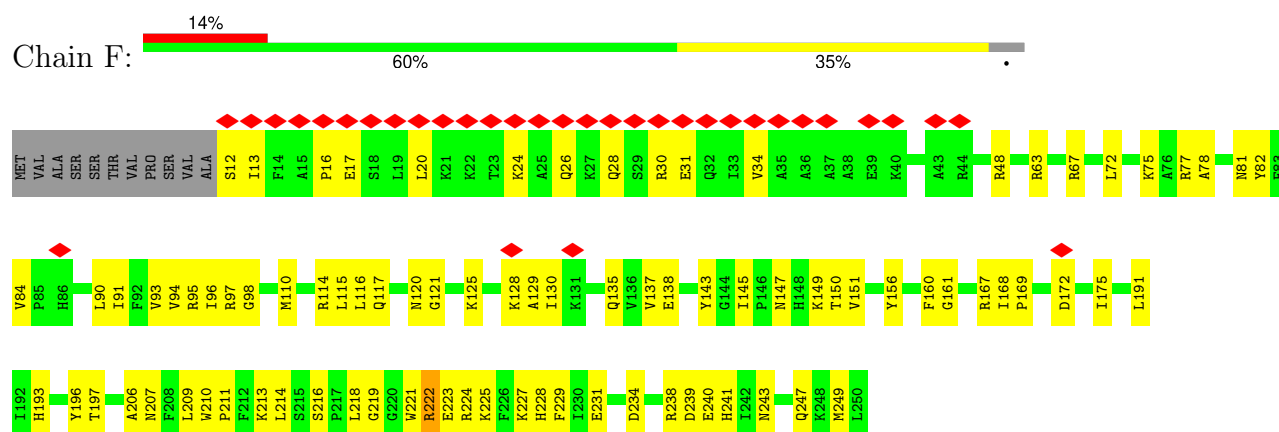
ARG	THR	ASP	LYS	GLU	ARG	ARG	ALA	GLY	TYR	ASN	LYS	LYS	HIS	VAL	ASP	VAL	TYR	SER	LYS	GLN	ARG	SER	SER	ALA	ILE	SER	GLN	ASP	LYS	GLY	ARG	TRP	SER	ARG																									
S481	K482	R483	Y484	Y485	L486	Q487	Q488	S489	A490	K491	D492	G493	Y494	R495	S496	Y497	L498	Q499	A500	Y501	A502	S503	Y504	S505	L506	K507	S508	I509	F510	D511	I512	N513	K514	L515	D516	L517	A518	K519	V520	A521	S522	S523	F524	G525	F526	A527	H528	P529	P530	N531	V532	N533	I534	THR	ILE	GLY	ALA	SER	GLY
I421	H422	R423	V424	G425	ARG	THR	ALA	GLY	THR	ARG	THR	GLY	THR	G435	K436	S437	L438	N439	F440	L441	A442	P443	S444	E445	L446	G447	F448	L449	R450	L452	K453	T454	A455	K456	V457	S458	L459	N460	E461	F462	E463	F464	P465	A466	M467	K468	V469	A470	M471	V472	Q473	S474	Q475	L476	E477	K478	L479	V480	
L361	P362	V363	L364	D365	L366	H367	G368	K369	Q370	K371	Q372	Q373	R374	R375	T376	T377	T378	F379	F380	E381	F382	C383	N384	A385	E386	K387	G388	I389	L390	L391	C392	T393	N394	V395	A396	A397	R398	G399	L400	D401	F402	P403	A404	V405	D406	W407	L408	W409	Q410	Y411	D412	P413	P414	D415	D416	P417	R418	D419	Y420
SER	GLY	LYS	PRO	THR	SER	THR	VAL	GLY	GLY	LEU	E312	Q313	G314	Y315	V316	V317	V318	D319	S320	D321	K322	R323	F324	L325	L326	L327	F328	S329	F330	L331	K332	R333	N334	L335	K336	K337	K338	V339	I340	V341	F342	M343	S344	S345	C346	A347	S348	V349	K350	Y351	M352	A353	E354	L355	L356	N357	Y358	I359	D360
V241	I242	D243	E244	A245	D246	R247	I248	L249	E250	I251	G252	F253	E254	D255	E256	M257	R258	Q259	I260	M261	K262	I263	L264	P265	S266	E267	N268	R269	Q270	L271	L272	LEU	PHE	SER	THR	GLN	THR	THR	LYS	VAL	GLY	ASP	LEU	ALA	ARG	ILE	SER	LEU	LYS	PRO	GLY	PRO	LEU	VAL	THR	VAL	ASP		
A181	K182	E183	L184	L185	K186	Y187	H188	H189	Q190	T191	F192	G193	I194	V195	I196	G197	G198	Q199	N200	R201	R202	A203	E204	A205	D206	K207	L208	V209	K210	G211	V212	N213	L214	L215	V216	A217	T218	P219	G220	R221	L222	L223	D224	H225	L226	Q227	N228	T229	K230	G231	F232	V233	F234	R235	N236	L237	R238	S239	L240
P121	P122	L123	L124	A125	G126	R127	D128	V129	L130	G131	A132	A133	K134	T135	G136	S137	G138	K139	T140	L141	A142	F143	L144	I145	P146	T147	I148	E149	M150	L151	Y152	A153	K155	F156	K157	P158	R159	N160	G161	T162	G163	V164	I165	I166	I167	S168	P169	T170	R171	E172	L173	A174	L175	Q176	I177	F178	G179	V180	
GLU	SER	GLU	GLU	LEU	ASP	ASN	GLU	GLU	ASP	GLU	VAL	GLN	LYS	SER	VAL	ASN	LEU	ASN	ALA	SER	LYS	GLN	PRO	LEU	SER	THR	ASP	LEU	GLN	L96	S97	E98	N99	I100	Q101	K102	A103	I104	K105	E106	M107	G108	F109	E110	T111	M112	T113	E114	I115	Q116	K117	R118	S119	I120					
MET	ALA	LYS	SER	GLU	LEU	LYS	ARG	LYS	HIS	GLN	SER	GLY	ASN	GLU	VAL	LYS	GLU	LYS	GLY	VAL	ASN	ARG	GLY	GLY	GLU	GLN	PRO	LEU	LYS	ASN	ASP	GLY	ASP	TYR	GLU	GLN	GLU	GLU	ASN	GLU	ASP	ALA	ASP	GLN	ASN	THR	SER	VAL	GLU	SER									

• Molecule 11: 60S ribosomal protein L6

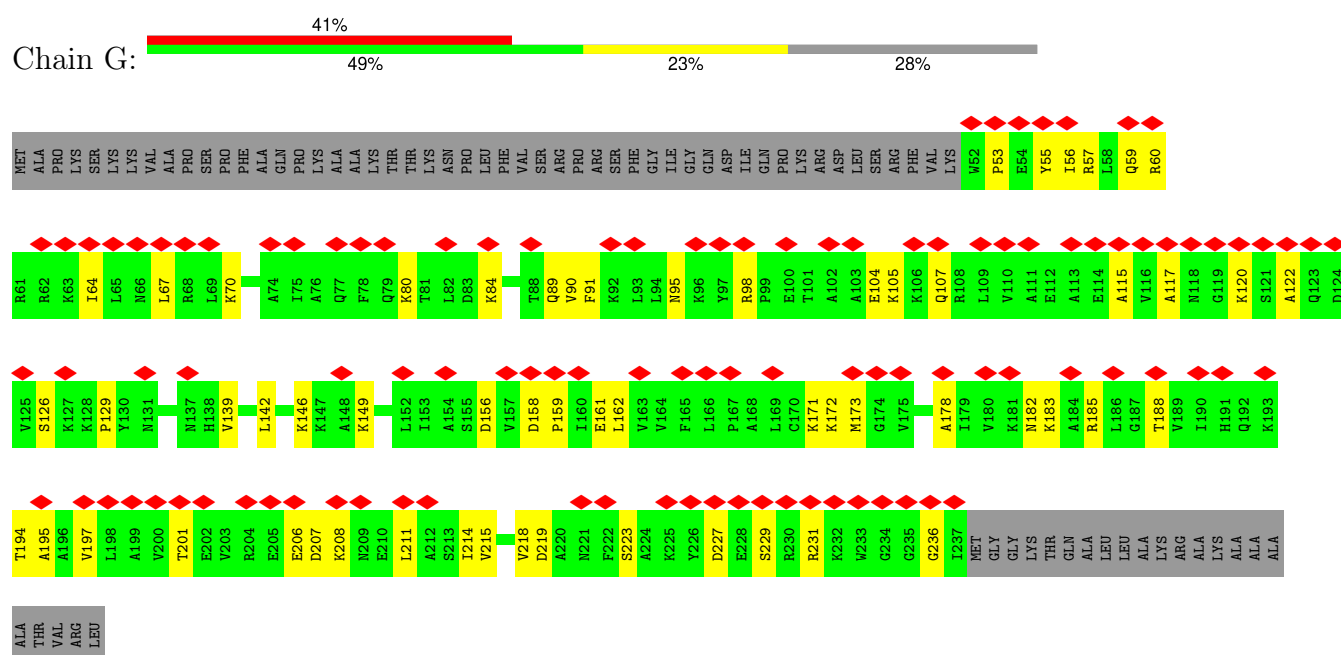


--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--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

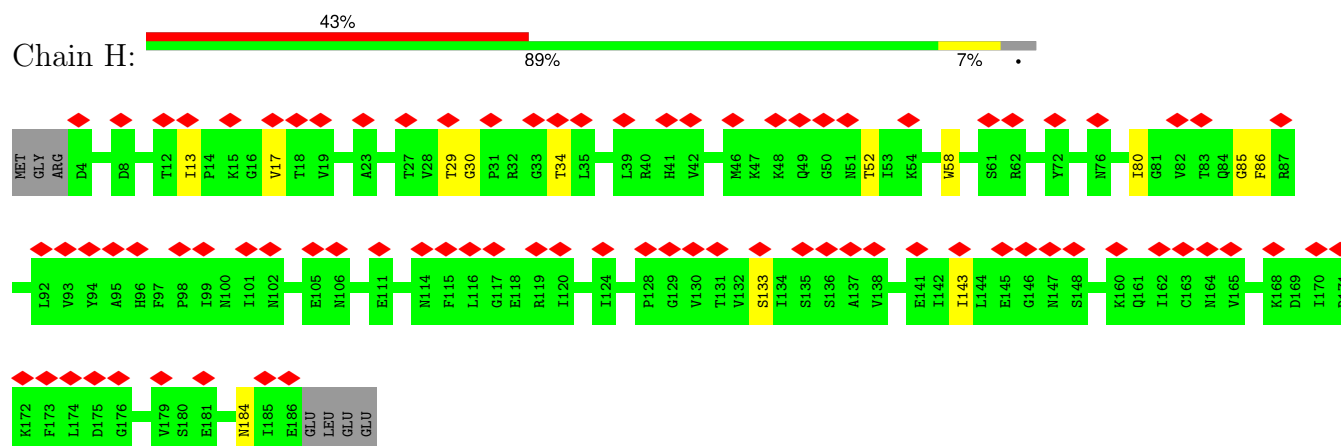
- Molecule 12: 60S ribosomal protein L7-B

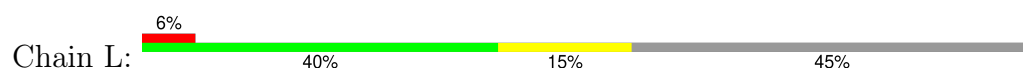


- Molecule 13: 60S ribosomal protein L8

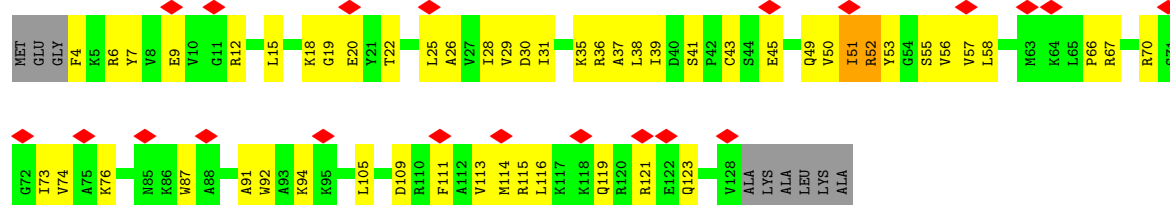


- Molecule 14: 60S ribosomal protein L9-A

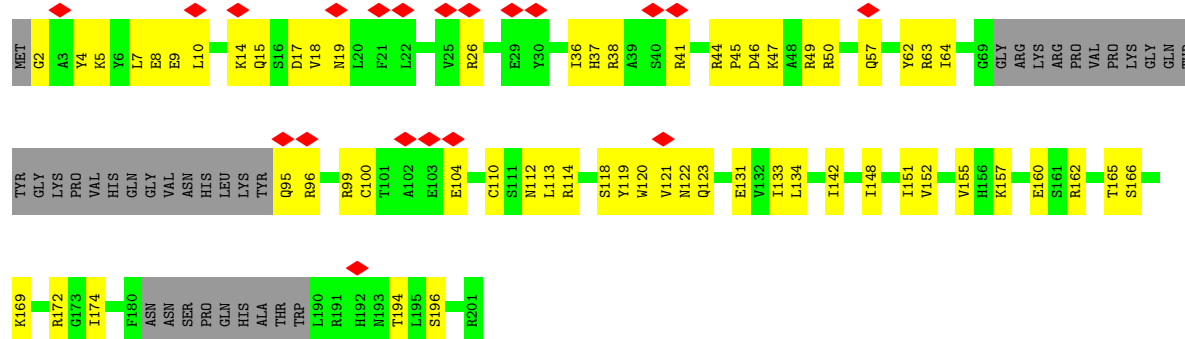




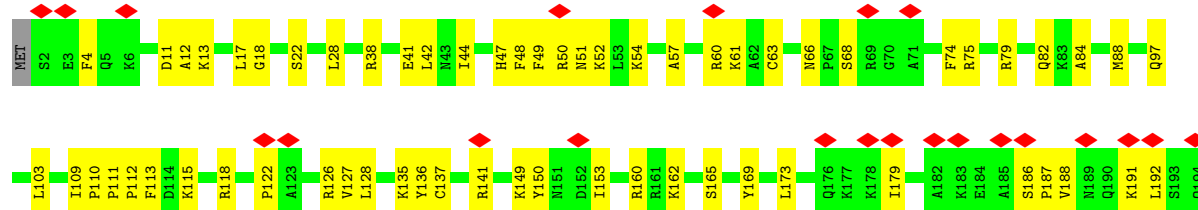
• Molecule 18: 60S ribosomal protein L14



• Molecule 19: 60S ribosomal protein L15-A

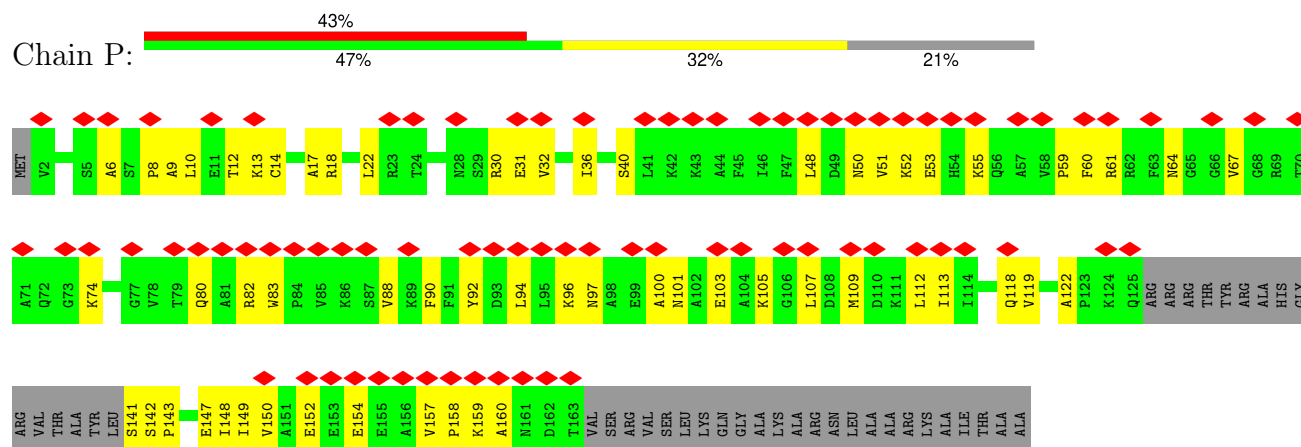


• Molecule 20: 60S ribosomal protein L16-B

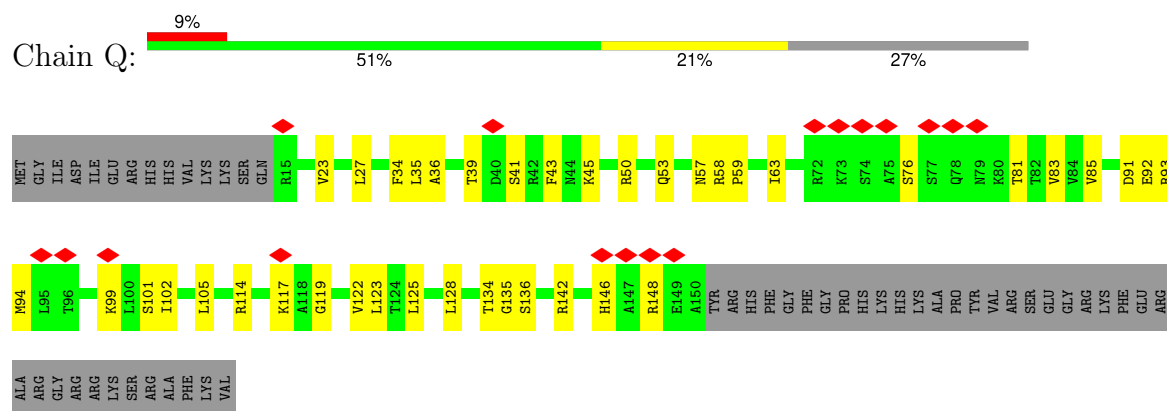




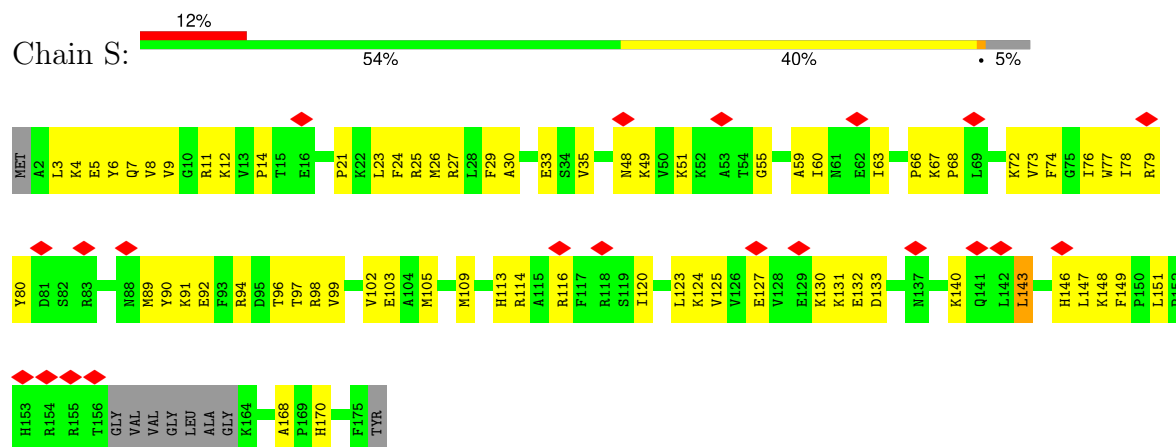
• Molecule 21: 60S ribosomal protein L17-A



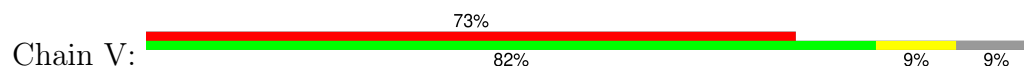
• Molecule 22: 60S ribosomal protein L18-A

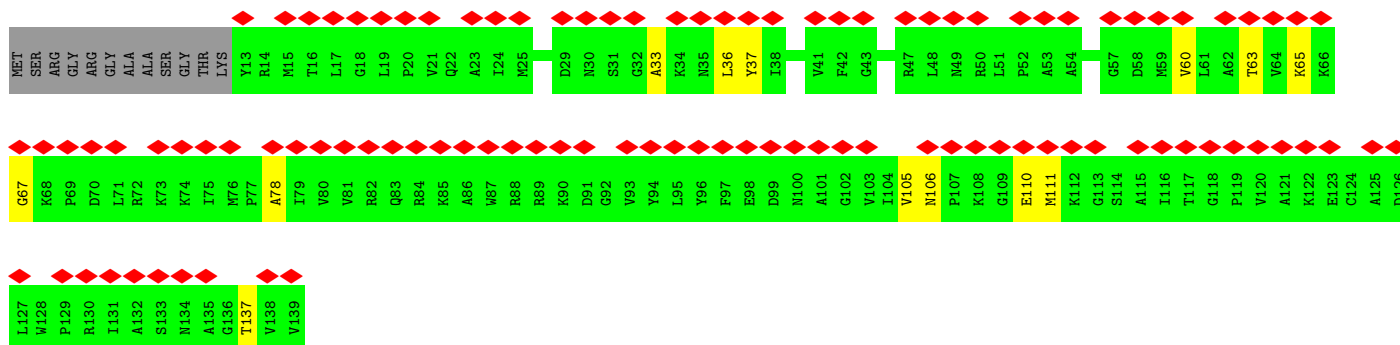


• Molecule 23: 60S ribosomal protein L20-A

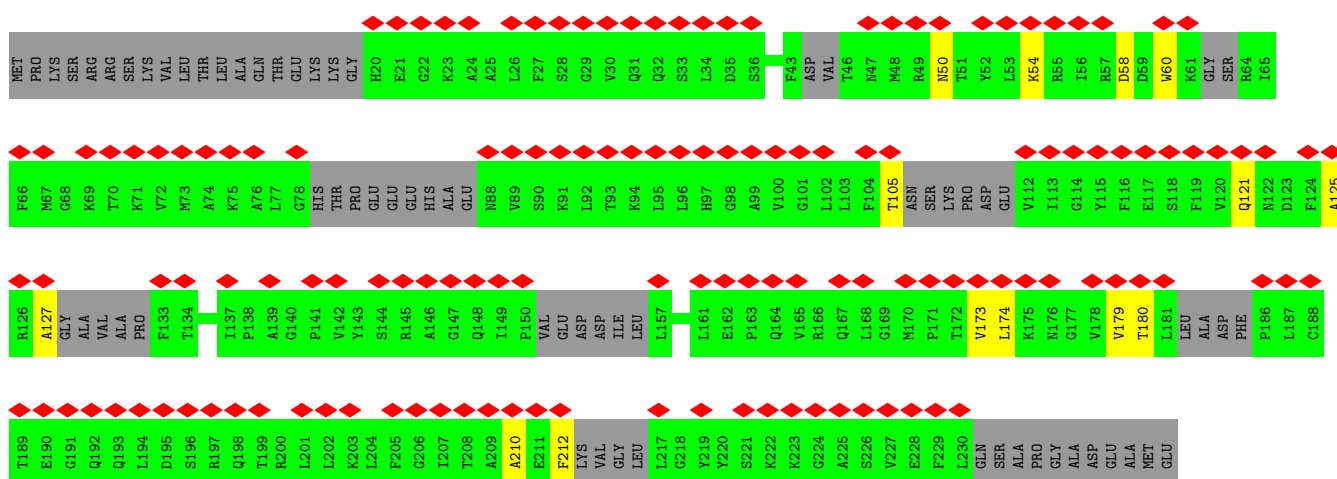


• Molecule 24: 60S ribosomal protein L23-A

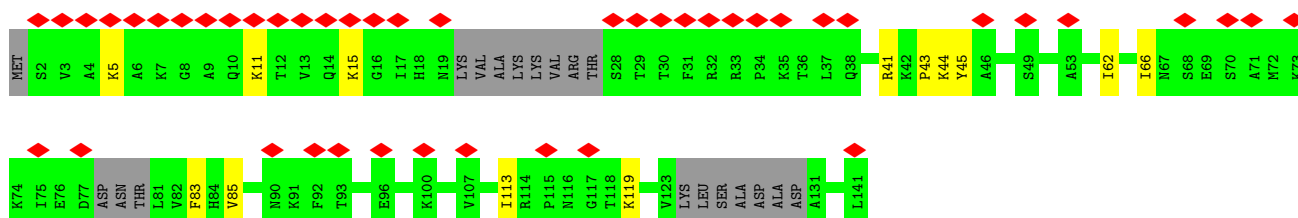
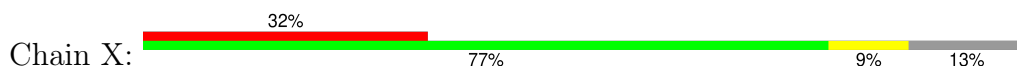




• Molecule 25: Ribosome assembly factor mrt4

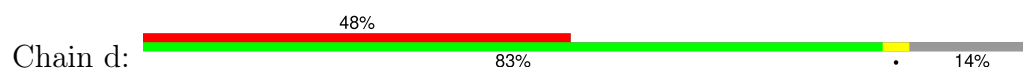


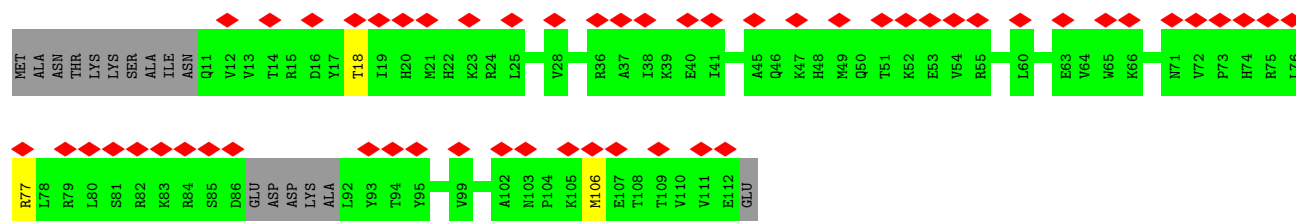
• Molecule 26: 60S ribosomal protein L25-A



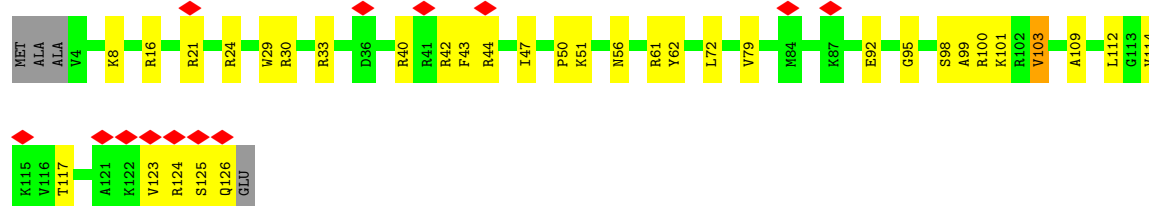
• Molecule 27: 60S ribosomal protein L26



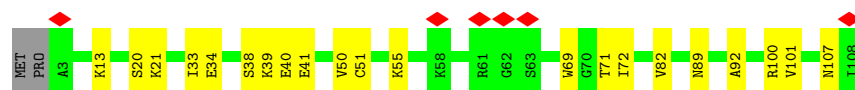
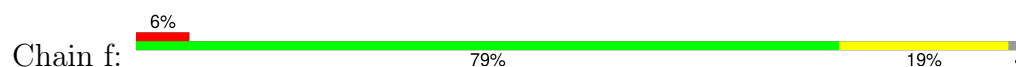




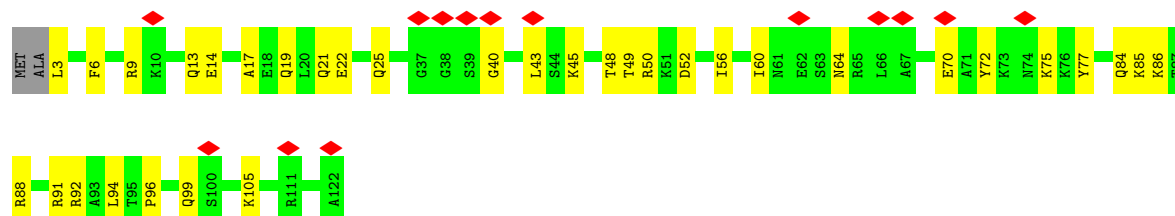
- Molecule 30: 60S ribosomal protein L32-A



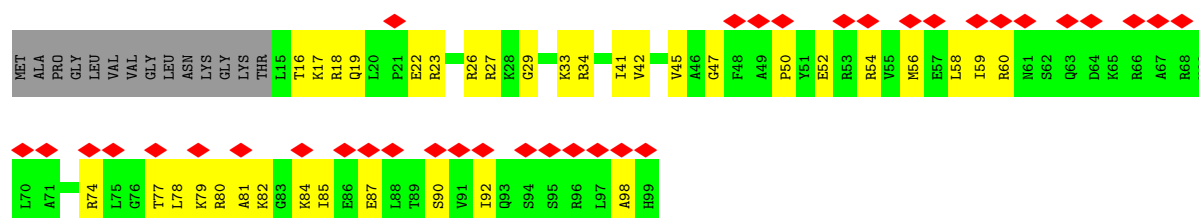
- Molecule 31: 60S ribosomal protein L33-B



- Molecule 32: 60S ribosomal protein L35



- Molecule 33: 60S ribosomal protein L36-B

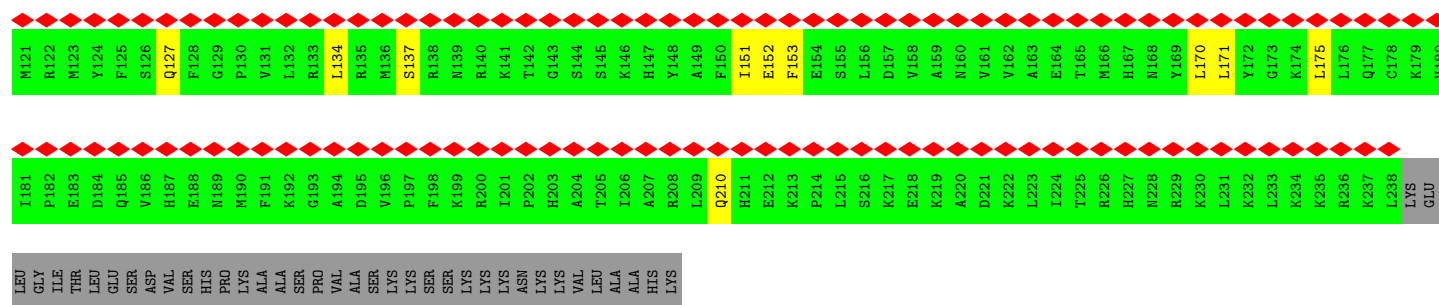


- Molecule 34: 60S ribosomal protein L37-B

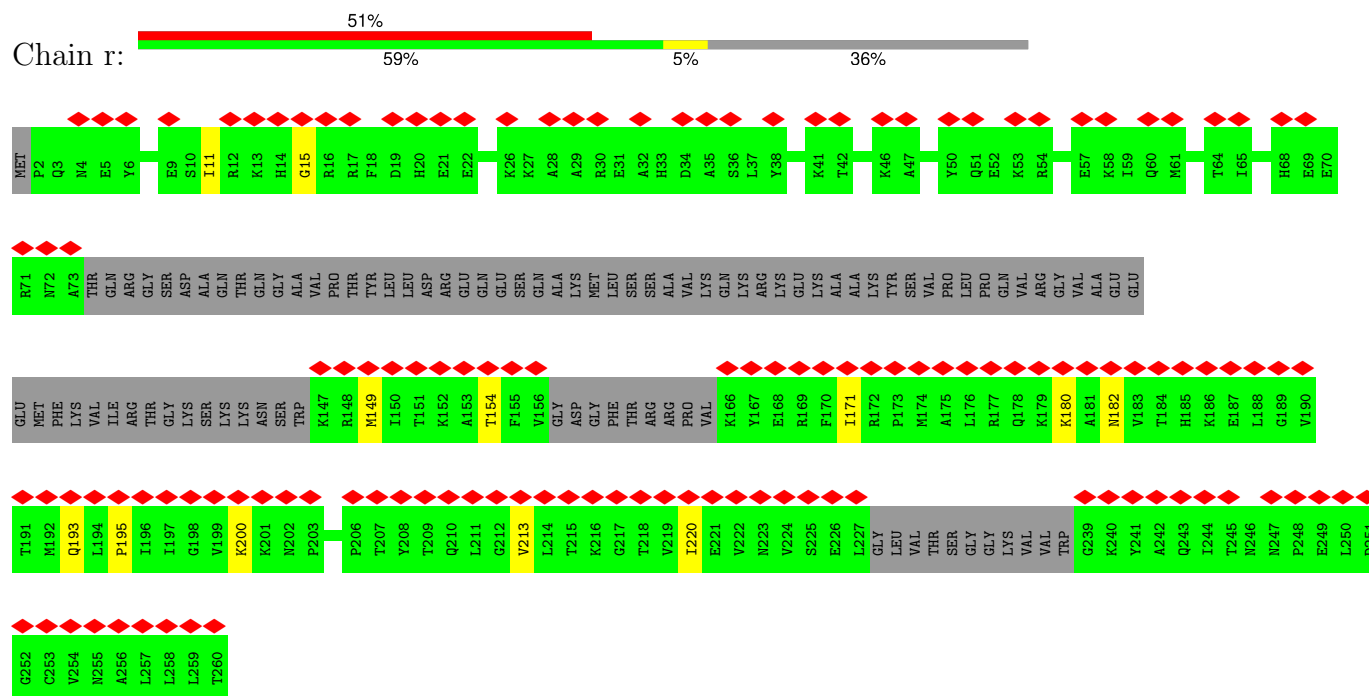


Chain m:  16% 13% 84%

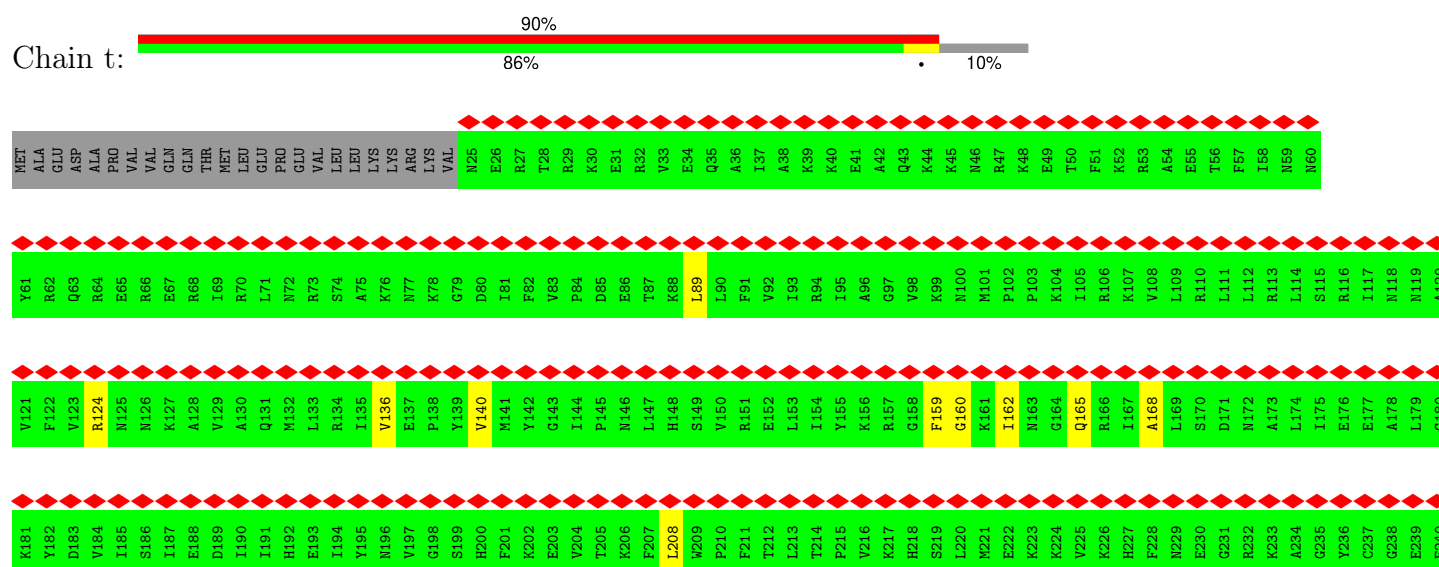


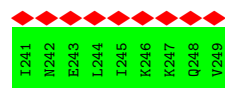


• Molecule 38: Ribosome biogenesis protein nsa2

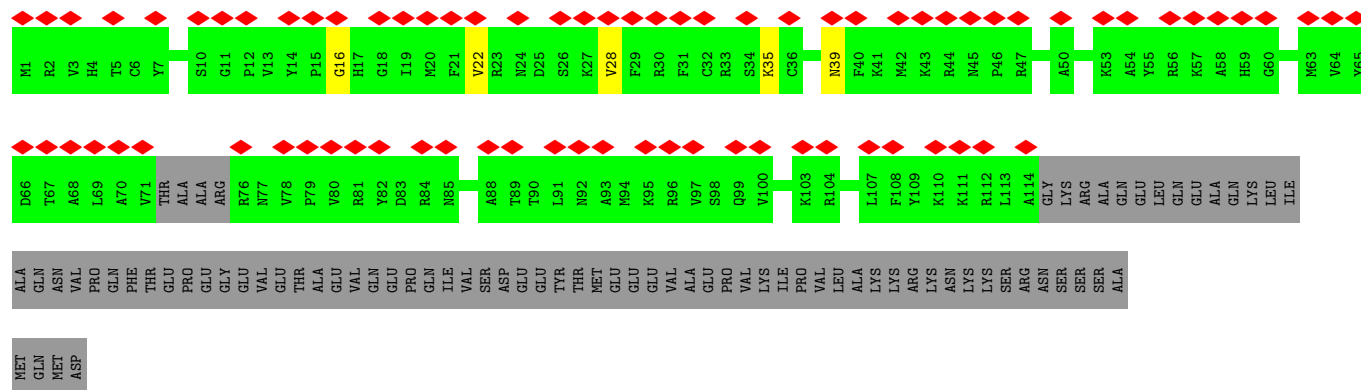
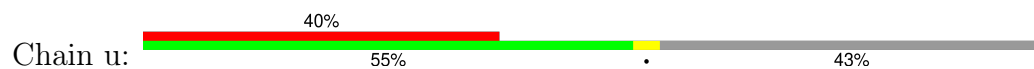


• Molecule 39: 60S ribosomal protein L7-A

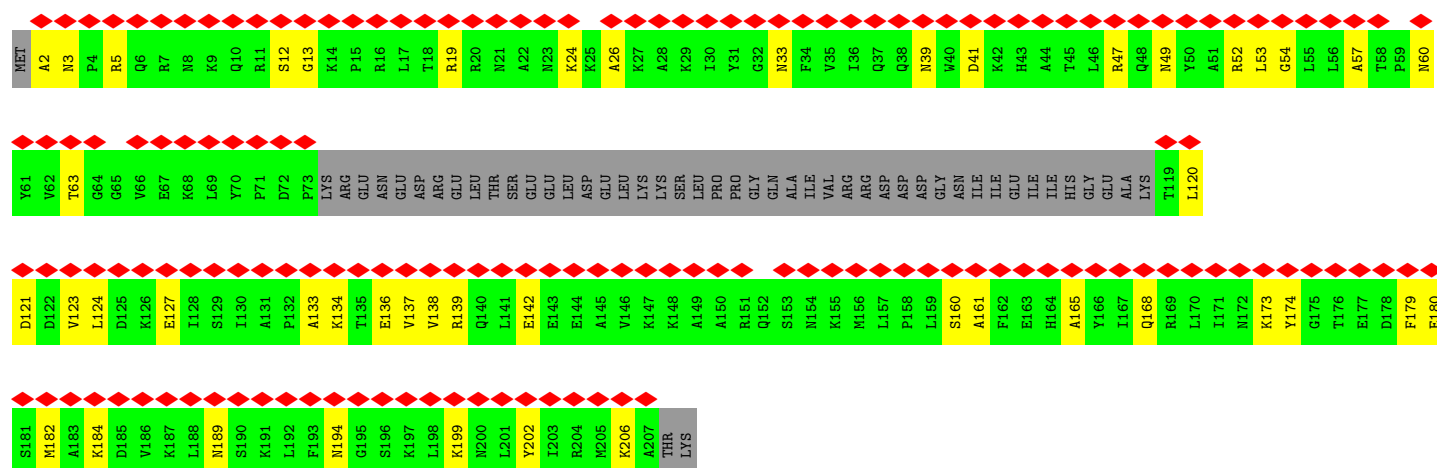
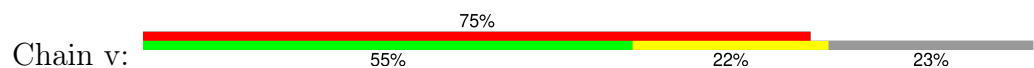




• Molecule 40: Ribosome biogenesis protein rlp24



• Molecule 41: Nucleolar protein 16

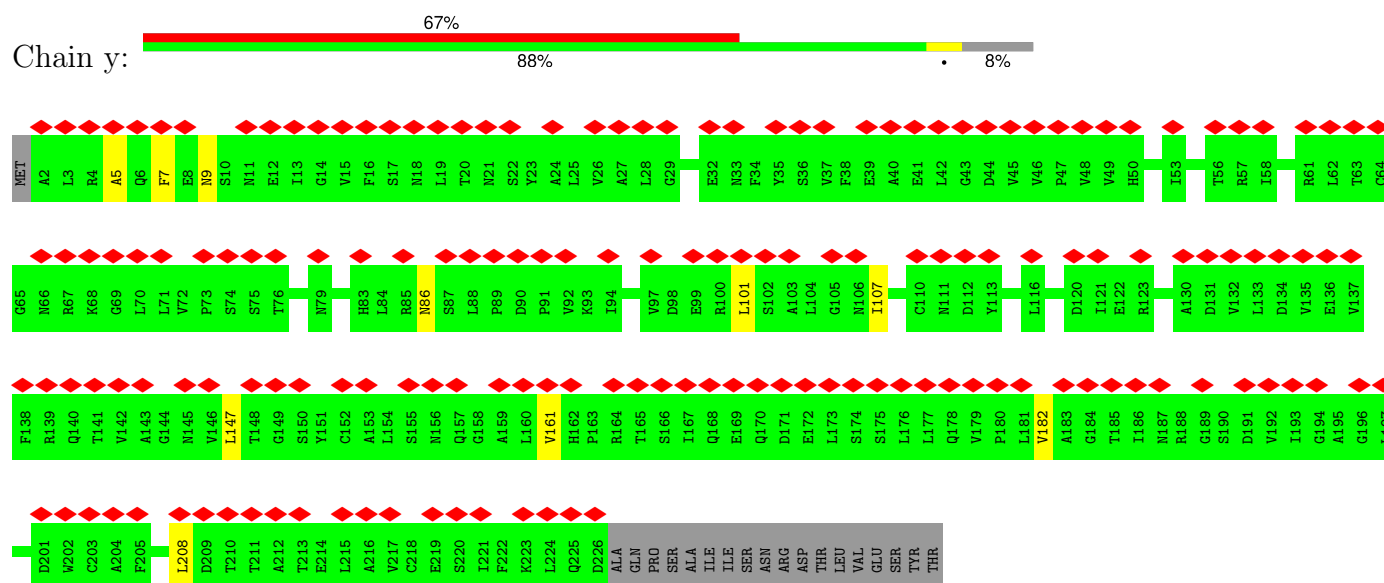


• Molecule 42: Brix domain-containing protein C4F8.04

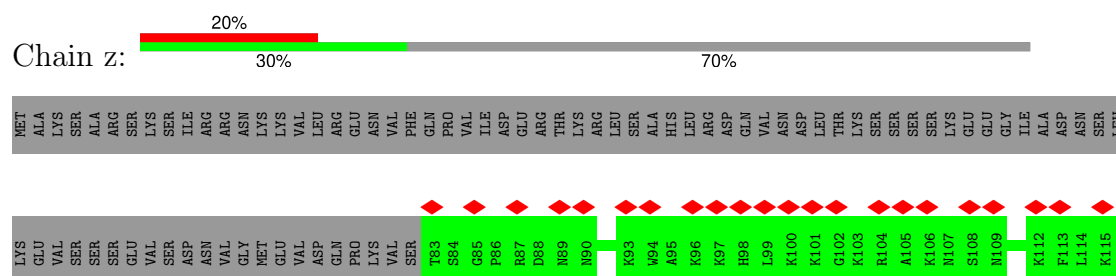




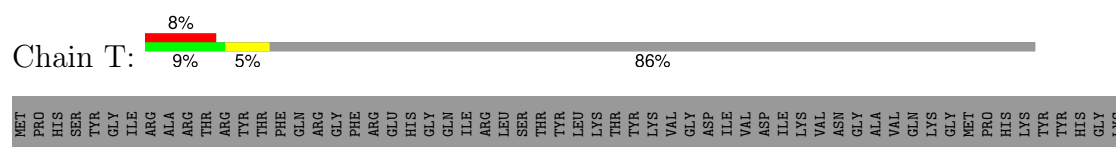
• Molecule 43: Eukaryotic translation initiation factor 6



• Molecule 44: UPF0642 protein C32H8.05



• Molecule 45: 60S ribosomal protein L21-A





4 Experimental information

Property	Value	Source
EM reconstruction method	SINGLE PARTICLE	Depositor
Imposed symmetry	POINT, Not provided	
Number of particles used	9000	Depositor
Resolution determination method	FSC 0.143 CUT-OFF	Depositor
CTF correction method	PHASE FLIPPING AND AMPLITUDE CORRECTION	Depositor
Microscope	TFS KRIOS	Depositor
Voltage (kV)	300	Depositor
Electron dose ($e^-/\text{\AA}^2$)	60	Depositor
Minimum defocus (nm)	500	Depositor
Maximum defocus (nm)	2000	Depositor
Magnification	Not provided	
Image detector	GATAN K3 (6k x 4k)	Depositor
Maximum map value	0.491	Depositor
Minimum map value	-0.210	Depositor
Average map value	0.000	Depositor
Map value standard deviation	0.008	Depositor
Recommended contour level	0.05	Depositor
Map size (\AA)	542.72, 542.72, 542.72	wwPDB
Map dimensions	512, 512, 512	wwPDB
Map angles ($^\circ$)	90.0, 90.0, 90.0	wwPDB
Pixel spacing (\AA)	1.06, 1.06, 1.06	Depositor

5 Model quality

5.1 Standard geometry

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

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	0.21	0/37838	0.26	0/58935
2	2	0.21	0/3608	0.25	0/5615
3	3	0.28	0/1607	0.39	0/2162
4	4	0.20	0/1809	0.40	0/2443
5	5	0.18	0/2739	0.41	0/3702
6	6	0.14	0/1916	0.34	0/2973
7	A	0.16	0/1431	0.40	0/1971
8	B	0.18	0/2694	0.41	0/3619
9	C	0.31	0/2617	0.46	0/3529
10	D	0.07	0/1928	0.23	0/2680
11	E	0.21	0/1356	0.50	0/1829
12	F	0.23	0/1977	0.42	0/2651
13	G	0.23	0/1487	0.43	0/2007
14	H	0.08	0/901	0.24	0/1252
15	J	0.06	0/563	0.20	0/786
16	K	0.09	0/1188	0.24	0/1654
17	L	0.31	0/956	0.50	0/1283
18	M	0.19	0/1024	0.48	0/1375
19	N	0.29	0/1429	0.40	0/1909
20	O	0.21	0/1588	0.43	0/2128
21	P	0.22	0/1176	0.42	0/1580
22	Q	0.25	0/1068	0.43	0/1434
23	S	0.20	0/1430	0.50	0/1921
24	V	0.06	0/623	0.23	0/862
25	W	0.07	0/841	0.30	0/1154
26	X	0.21	0/753	0.38	0/1021
27	Y	0.24	0/1008	0.42	0/1341
28	b	0.06	0/1935	0.21	0/2693
29	d	0.07	0/481	0.20	0/669
30	e	0.29	0/1000	0.45	0/1333
31	f	0.24	0/859	0.39	0/1152
32	h	0.25	0/1003	0.51	0/1333

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	# Z >5	RMSZ	# Z >5
33	i	0.26	0/703	0.52	0/931
34	j	0.25	0/575	0.42	0/761
35	m	0.19	0/873	0.43	0/1188
36	n	0.16	0/2233	0.40	0/3054
37	o	0.11	0/665	0.28	0/925
38	r	0.07	0/819	0.22	0/1134
39	t	0.07	0/1114	0.24	0/1550
40	u	0.07	0/544	0.23	0/756
41	v	0.19	0/1319	0.43	0/1769
42	x	0.20	0/2549	0.41	0/3416
43	y	0.06	0/1106	0.20	0/1536
44	z	0.06	0/172	0.19	0/238
45	T	0.15	0/182	0.35	0/252
All	All	0.20	0/95687	0.34	0/138506

There are no bond length outliers.

There are no bond angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

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	33816	0	17019	568	0
2	2	3229	0	1632	67	0
3	3	1576	0	1626	43	0
4	4	1762	0	1784	56	0
5	5	2686	0	2745	92	0
6	6	1717	0	866	45	0
7	A	1427	0	854	21	0
8	B	2641	0	2727	118	0
9	C	2571	0	2709	78	0
10	D	1931	0	874	5	0
11	E	1328	0	1408	44	0
12	F	1939	0	2030	71	0

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
13	G	1464	0	1558	51	0
14	H	902	0	392	7	0
15	J	564	0	259	3	0
16	K	1190	0	526	12	0
17	L	938	0	1009	31	0
18	M	1007	0	1072	46	0
19	N	1401	0	1439	48	0
20	O	1557	0	1652	59	0
21	P	1154	0	1169	47	0
22	Q	1057	0	1153	23	0
23	S	1395	0	1453	76	0
24	V	624	0	303	7	0
25	W	850	0	383	8	0
26	X	750	0	576	10	0
27	Y	998	0	1090	26	0
28	b	1939	0	867	8	0
29	d	483	0	208	2	0
30	e	986	0	1053	32	0
31	f	839	0	866	20	0
32	h	994	0	1087	28	0
33	i	696	0	763	31	0
34	j	563	0	578	23	0
35	m	859	0	691	28	0
36	n	2215	0	1603	43	0
37	o	666	0	298	8	0
38	r	823	0	367	6	0
39	t	1115	0	492	5	0
40	u	546	0	248	3	0
41	v	1299	0	1347	40	0
42	x	2503	0	2508	93	0
43	y	1107	0	514	6	0
44	z	173	0	76	0	0
45	T	175	0	165	9	0
46	j	1	0	0	0	0
All	All	90456	0	64039	1724	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 12.

All (1724) close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:1388:G:H1	3:3:26:ASN:HB2	1.28	0.96
23:S:109:MET:HG2	23:S:120:ILE:HD11	1.55	0.87
42:x:168:ASN:O	42:x:168:ASN:ND2	2.07	0.86
1:1:379:G:H22	1:1:382:A:H5''	1.42	0.84
8:B:331:PRO:HD2	8:B:334:ARG:HE	1.43	0.84
8:B:66:LYS:HD2	8:B:67:MET:HG3	1.60	0.83
1:1:592:U:H1'	9:C:346:GLU:HG3	1.60	0.83
6:6:102:G:H21	6:6:184:C:H41	1.26	0.82
1:1:1023:G:H1	1:1:1090:U:H3	1.26	0.81
3:3:30:ASN:HD22	3:3:44:PRO:HG2	1.45	0.81
21:P:48:LEU:HD11	21:P:92:TYR:HD2	1.46	0.81
1:1:3333:G:H1	1:1:3354:U:H3	1.30	0.80
1:1:351:U:H4'	9:C:97:ARG:HH21	1.47	0.80
23:S:78:ILE:HD13	23:S:89:MET:HG3	1.64	0.79
21:P:50:ASN:HB3	21:P:55:LYS:HB2	1.65	0.79
20:O:141:ARG:NH1	20:O:141:ARG:O	2.15	0.78
11:E:71:VAL:HG21	11:E:109:ILE:HD11	1.66	0.77
1:1:2472:A:N1	20:O:97:GLN:NE2	2.33	0.77
23:S:123:LEU:HD23	23:S:124:LYS:HB2	1.66	0.77
12:F:222:ARG:HH22	12:F:229:PHE:HE1	1.30	0.76
23:S:140:LYS:HA	23:S:143:LEU:HD23	1.67	0.76
9:C:152:LEU:HD21	9:C:174:ILE:HD12	1.68	0.76
1:1:485:U:H2'	1:1:486:G:H8	1.50	0.75
1:1:546:G:N2	23:S:147:LEU:HD23	2.02	0.74
1:1:1385:U:OP2	9:C:309:ARG:NH1	2.21	0.74
5:5:1:MET:N	5:5:17:ILE:O	2.20	0.74
23:S:114:ARG:O	23:S:116:ARG:NH1	2.20	0.74
1:1:2985:A:H61	1:1:3008:C:H42	1.34	0.74
1:1:2449:A:H61	1:1:2465:G:H1	1.35	0.74
8:B:273:MET:HE3	8:B:275:ARG:HH22	1.52	0.74
1:1:1386:G:OP2	3:3:107:ARG:NH2	2.21	0.74
13:G:227:ASP:OD1	13:G:231:ARG:NH2	2.20	0.74
2:2:88:A:N1	27:Y:51:ARG:NH2	2.34	0.73
18:M:6:ARG:HB3	18:M:12:ARG:HH12	1.52	0.73
8:B:283:TYR:HB2	8:B:323:MET:HG3	1.69	0.73
32:h:21:GLN:OE1	32:h:21:GLN:N	2.19	0.73
1:1:689:U:H3	1:1:830:G:H1	1.36	0.73
1:1:3285:G:H1	1:1:3302:U:H3	1.37	0.73
36:n:116:ASP:OD1	36:n:117:HIS:N	2.20	0.73
11:E:137:GLU:OE1	42:x:143:ARG:NH2	2.21	0.73
4:4:168:GLU:OE1	4:4:168:GLU:N	2.21	0.72
12:F:149:LYS:NZ	12:F:247:GLN:OE1	2.22	0.72

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
7:A:245:ASN:OD1	7:A:247:THR:HG23	1.89	0.72
13:G:89:GLN:OE1	13:G:89:GLN:N	2.22	0.72
4:4:19:ARG:NH1	4:4:54:MET:O	2.23	0.71
27:Y:113:ASP:OD1	27:Y:114:ARG:N	2.22	0.71
19:N:113:LEU:HB3	19:N:134:LEU:HB3	1.72	0.71
32:h:22:GLU:HA	32:h:25:GLN:HG2	1.72	0.71
1:1:123:A:OP1	13:G:105:LYS:NZ	2.22	0.71
35:m:255:GLU:HB2	35:m:256:ARG:NH1	2.05	0.71
41:v:182:MET:N	41:v:182:MET:SD	2.63	0.71
1:1:3315:A:N6	1:1:3359:U:O4	2.23	0.71
4:4:118:PHE:HA	4:4:121:ILE:HD12	1.72	0.71
1:1:277:G:H5''	19:N:14:LYS:HE2	1.73	0.71
1:1:1388:G:N1	3:3:26:ASN:HB2	2.03	0.71
12:F:82:TYR:HE2	23:S:9:VAL:HG21	1.54	0.71
36:n:16:TYR:HB3	36:n:63:PHE:HD2	1.55	0.71
1:1:1218:C:H5	1:1:1350:G:H1	1.37	0.71
1:1:3286:U:H3	1:1:3301:C:H42	1.38	0.71
21:P:82:ARG:HD2	21:P:83:TRP:H	1.55	0.70
1:1:3098:C:OP1	8:B:26:ARG:NH2	2.24	0.70
34:j:60:GLY:HA2	34:j:64:MET:SD	2.32	0.70
1:1:103:G:OP1	17:L:70:ARG:NH2	2.20	0.70
1:1:222:G:H5''	27:Y:11:ARG:HG3	1.74	0.70
5:5:273:LYS:HD2	42:x:288:GLU:HB3	1.72	0.70
13:G:149:LYS:NZ	13:G:201:THR:O	2.22	0.70
22:Q:92:GLU:OE1	22:Q:92:GLU:N	2.23	0.70
1:1:339:G:OP1	41:v:3:ASN:ND2	2.25	0.70
21:P:48:LEU:HD11	21:P:92:TYR:CD2	2.26	0.70
18:M:39:ILE:HD13	18:M:51:ILE:H	1.56	0.70
1:1:2925:G:H1'	28:b:132:ALA:HA	1.74	0.70
6:6:2:C:H42	37:o:171:LEU:HA	1.56	0.70
32:h:22:GLU:OE2	32:h:22:GLU:N	2.23	0.69
41:v:41:ASP:OD1	41:v:49:ASN:ND2	2.20	0.69
1:1:495:A:OP1	3:3:123:ARG:NH1	2.25	0.69
1:1:1277:G:H1'	1:1:1295:G:H2'	1.74	0.69
3:3:159:LYS:NZ	21:P:105:LYS:O	2.26	0.69
1:1:650:G:N2	1:1:1435:G:OP1	2.21	0.69
6:6:58:A:H2'	6:6:59:A:C8	2.29	0.68
1:1:843:U:H3	1:1:961:A:H61	1.42	0.68
1:1:840:A:H61	1:1:964:U:H3	1.39	0.68
36:n:10:ALA:HA	36:n:14:ARG:HB2	1.76	0.68
1:1:3332:U:H2'	1:1:3333:G:H8	1.57	0.68

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:182:G:H1	1:1:250:A:H61	1.42	0.68
1:1:1389:A:H4'	1:1:1390:A:H5''	1.76	0.68
1:1:1206:C:H1'	20:O:88:MET:HE2	1.75	0.67
1:1:1333:A:H1'	1:1:1334:A:H5''	1.74	0.67
8:B:161:LEU:HD12	8:B:178:LEU:HD21	1.74	0.67
23:S:3:LEU:HD12	23:S:103:GLU:HG2	1.76	0.67
36:n:16:TYR:HB3	36:n:63:PHE:CD2	2.29	0.67
41:v:39:ASN:O	41:v:52:ARG:NH2	2.26	0.67
5:5:300:SER:HB2	5:5:338:SER:HA	1.76	0.67
11:E:79:THR:HG21	11:E:95:ARG:HD2	1.76	0.67
18:M:53:TYR:HB3	23:S:151:LEU:HD11	1.76	0.67
1:1:276:A:OP1	19:N:50:ARG:NH1	2.28	0.67
1:1:366:G:N2	1:1:369:A:OP2	2.25	0.67
1:1:3237:A:H3'	1:1:3238:A:H4'	1.76	0.67
1:1:3103:U:H2'	1:1:3104:G:H8	1.60	0.67
23:S:76:ILE:HG22	23:S:78:ILE:HD11	1.76	0.67
1:1:3085:G:O2'	1:1:3086:A:O5'	2.12	0.67
1:1:3140:A:H4'	8:B:13:SER:HB3	1.74	0.67
2:2:132:G:H1	2:2:137:A:H61	1.43	0.67
36:n:69:ILE:HG23	36:n:70:GLN:HE21	1.60	0.67
4:4:158:LEU:HD12	4:4:198:LEU:HD21	1.76	0.67
8:B:14:LEU:HA	8:B:17:LEU:HD23	1.76	0.67
1:1:2931:C:H41	1:1:2947:C:H41	1.43	0.67
8:B:117:ARG:HH21	8:B:177:HIS:HA	1.60	0.67
2:2:71:G:H22	2:2:105:A:H2	1.43	0.67
22:Q:53:GLN:O	22:Q:58:ARG:NH1	2.28	0.67
27:Y:37:GLU:N	27:Y:37:GLU:OE2	2.28	0.66
6:6:58:A:H2'	6:6:59:A:H8	1.60	0.66
42:x:249:PHE:HB3	42:x:259:ILE:HD11	1.78	0.66
1:1:3324:G:H1	1:1:3361:U:H3	1.42	0.66
9:C:314:HIS:CE1	12:F:169:PRO:HG3	2.30	0.66
41:v:139:ARG:HA	41:v:142:GLU:HG2	1.76	0.66
8:B:89:VAL:HG12	8:B:160:VAL:HG12	1.77	0.66
23:S:12:LYS:HA	23:S:55:GLY:HA2	1.78	0.66
42:x:101:SER:HB3	42:x:152:ASN:HA	1.75	0.66
1:1:116:A:OP1	33:i:34:ARG:NH2	2.29	0.66
23:S:21:PRO:O	45:T:146:ASN:ND2	2.29	0.66
1:1:3398:U:O2'	21:P:74:LYS:NZ	2.29	0.66
5:5:314:ASP:OD2	5:5:318:ARG:NH2	2.29	0.66
1:1:466:U:H3	1:1:484:A:H61	1.44	0.65
1:1:2929:G:H1	1:1:2949:U:H3	1.44	0.65

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
5:5:64:ILE:HD11	5:5:102:LEU:HD21	1.78	0.65
20:O:84:ALA:O	20:O:88:MET:HG3	1.97	0.65
5:5:59:ARG:HD2	5:5:63:THR:HB	1.78	0.65
19:N:8:GLU:HB2	19:N:50:ARG:HH22	1.61	0.65
42:x:168:ASN:HD22	42:x:168:ASN:C	1.98	0.65
1:1:1387:A:OP1	3:3:103:ARG:NH2	2.30	0.65
1:1:20:A:OP1	32:h:92:ARG:NH2	2.30	0.65
9:C:34:PRO:HA	9:C:246:LEU:HD11	1.79	0.65
9:C:283:ILE:HG23	22:Q:105:LEU:HB3	1.79	0.65
8:B:58:ARG:HH21	8:B:354:VAL:HA	1.60	0.65
1:1:248:G:N2	1:1:248:G:OP2	2.27	0.65
1:1:447:C:H5	1:1:504:A:H62	1.45	0.65
4:4:155:ASN:HB2	9:C:297:GLU:HG3	1.79	0.65
27:Y:54:GLN:NE2	27:Y:66:GLU:OE2	2.30	0.65
8:B:332:VAL:HG12	8:B:333:LYS:HG2	1.79	0.64
23:S:66:PRO:HB2	23:S:67:LYS:HE2	1.78	0.64
12:F:82:TYR:CE2	23:S:9:VAL:HG21	2.32	0.64
23:S:109:MET:HE3	23:S:113:HIS:HB3	1.79	0.64
13:G:115:ALA:HB1	13:G:120:LYS:HB2	1.79	0.64
1:1:3104:G:OP2	20:O:75:ARG:NH1	2.26	0.64
31:f:20:SER:OG	31:f:21:LYS:N	2.28	0.64
1:1:3315:A:H2	11:E:179:ALA:HB3	1.62	0.64
1:1:3405:C:O3'	8:B:334:ARG:NH2	2.30	0.64
6:6:52:A:H2'	6:6:53:A:H8	1.63	0.64
9:C:338:LYS:HE3	9:C:338:LYS:HA	1.78	0.64
1:1:3416:A:N6	8:B:121:ASN:OD1	2.30	0.64
1:1:615:G:N2	1:1:637:U:OP1	2.29	0.64
1:1:3471:A:H5'	8:B:384:LYS:HD2	1.80	0.64
6:6:52:A:H2'	6:6:53:A:C8	2.33	0.64
1:1:646:A:O2'	1:1:647:A:N7	2.23	0.64
1:1:1178:G:OP1	30:e:44:ARG:NH1	2.31	0.64
18:M:18:LYS:HB3	18:M:55:SER:HB2	1.78	0.64
1:1:3217:U:H1'	1:1:3218:A:H5''	1.80	0.63
5:5:267:LEU:HD11	5:5:281:ASP:HA	1.79	0.63
12:F:224:ARG:O	12:F:227:LYS:NZ	2.31	0.63
1:1:188:C:OP1	41:v:19:ARG:NH2	2.29	0.63
1:1:1156:U:H2'	1:1:1157:G:H8	1.62	0.63
1:1:368:G:N3	1:1:846:U:O2'	2.30	0.63
4:4:76:TRP:CD1	4:4:77:ILE:HD12	2.34	0.63
1:1:546:G:H22	23:S:147:LEU:HD23	1.62	0.63
1:1:1346:U:O4	20:O:50:ARG:NH2	2.31	0.63

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
23:S:130:LYS:HZ3	23:S:131:LYS:H	1.45	0.63
2:2:64:G:H21	2:2:70:C:H5'	1.64	0.63
3:3:185:ILE:HG12	42:x:259:ILE:HD13	1.81	0.63
19:N:114:ARG:NH1	19:N:151:ILE:O	2.31	0.63
2:2:57:G:OP2	32:h:50:ARG:NH2	2.32	0.63
18:M:113:VAL:HG23	18:M:116:LEU:HD23	1.81	0.63
36:n:6:GLN:O	36:n:9:LYS:NZ	2.32	0.63
23:S:97:THR:HG22	23:S:99:VAL:H	1.64	0.63
9:C:288:ASP:OD1	9:C:291:ARG:HD3	1.98	0.62
1:1:3099:G:HO2'	8:B:92:TYR:HH	1.44	0.62
8:B:116:ARG:O	8:B:175:LYS:NZ	2.30	0.62
30:e:103:VAL:HG12	30:e:123:VAL:HG23	1.81	0.62
1:1:16:A:H4'	26:X:44:LYS:HE3	1.81	0.62
1:1:266:G:OP2	17:L:81:LYS:NZ	2.32	0.62
8:B:222:ARG:HD3	8:B:331:PRO:HB3	1.82	0.62
13:G:231:ARG:HG2	35:m:202:TYR:HB3	1.80	0.62
21:P:157:VAL:HG23	42:x:248:ALA:HB2	1.81	0.62
5:5:255:PRO:HG2	5:5:273:LYS:HG3	1.81	0.62
8:B:371:GLN:OE1	8:B:371:GLN:N	2.28	0.62
1:1:529:G:OP2	1:1:529:G:N2	2.27	0.62
4:4:77:ILE:HD12	4:4:77:ILE:H	1.62	0.62
1:1:1163:C:H2'	1:1:1164:A:H8	1.64	0.62
1:1:711:G:H5''	41:v:47:ARG:HD2	1.82	0.62
17:L:48:PRO:HG3	41:v:33:ASN:HD22	1.64	0.62
1:1:816:A:O2'	22:Q:93:ARG:NH2	2.33	0.62
2:2:48:A:OP2	2:2:111:G:N1	2.31	0.62
6:6:56:A:H61	6:6:86:U:H2'	1.63	0.62
13:G:98:ARG:NH2	13:G:188:THR:O	2.33	0.62
1:1:1454:C:OP2	9:C:195:LYS:NZ	2.32	0.61
23:S:91:LYS:NZ	23:S:92:GLU:O	2.33	0.61
1:1:546:G:O5'	23:S:131:LYS:NZ	2.28	0.61
1:1:3178:C:H2'	1:1:3179:G:H8	1.65	0.61
2:2:147:U:H2'	2:2:148:G:H8	1.66	0.61
9:C:320:PRO:HB2	12:F:156:TYR:HD2	1.66	0.61
21:P:31:GLU:HG2	21:P:60:PHE:HA	1.82	0.61
5:5:276:GLN:OE1	5:5:290:ARG:NH1	2.32	0.61
41:v:182:MET:O	41:v:189:ASN:ND2	2.32	0.61
5:5:290:ARG:NH2	5:5:292:GLN:OE1	2.34	0.61
42:x:34:LYS:HD2	42:x:35:GLU:N	2.15	0.61
1:1:189:G:H1	1:1:243:C:H5	1.49	0.61
1:1:3193:U:H1'	8:B:277:GLN:HE22	1.64	0.61

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
5:5:161:CYS:HA	5:5:165:ILE:HD11	1.83	0.61
1:1:1309:A:HO2'	1:1:1310:C:P	2.24	0.61
7:A:149:LEU:H	15:J:120:ALA:HA	1.65	0.61
8:B:339:ARG:HH22	8:B:342:LEU:HD21	1.66	0.61
41:v:180:GLU:H	41:v:180:GLU:CD	2.08	0.61
1:1:1349:A:N6	20:O:18:GLY:O	2.27	0.61
4:4:45:TRP:HB3	4:4:90:THR:HG21	1.82	0.61
12:F:110:MET:HG3	12:F:137:VAL:HG21	1.83	0.61
8:B:49:TYR:HE1	8:B:335:VAL:HG12	1.65	0.60
32:h:13:GLN:NE2	32:h:64:ASN:OD1	2.32	0.60
42:x:65:ILE:HG23	42:x:204:SER:HB3	1.81	0.60
42:x:66:ILE:HD11	42:x:209:MET:HG3	1.83	0.60
1:1:3367:A:N6	11:E:87:LYS:O	2.34	0.60
4:4:111:ARG:HA	4:4:164:ILE:HD12	1.83	0.60
11:E:135:LYS:O	11:E:137:GLU:N	2.33	0.60
33:i:42:VAL:HA	33:i:45:VAL:HG12	1.83	0.60
5:5:38:GLU:OE2	5:5:40:ASP:N	2.33	0.60
1:1:195:A:OP2	27:Y:45:ARG:NH2	2.34	0.60
5:5:321:ASP:OD1	5:5:325:LYS:N	2.31	0.60
8:B:221:THR:HG22	8:B:273:MET:H	1.65	0.60
17:L:40:GLN:NE2	17:L:40:GLN:O	2.34	0.60
22:Q:36:ALA:O	22:Q:45:LYS:NZ	2.25	0.60
5:5:3:LEU:HD12	5:5:339:ILE:HD11	1.84	0.60
1:1:1156:U:H2'	1:1:1157:G:C8	2.37	0.60
2:2:111:G:OP2	2:2:113:A:O2'	2.20	0.60
20:O:122:PRO:HD3	23:S:168:ALA:H	1.67	0.60
1:1:305:A:H8	33:i:29:GLY:HA2	1.66	0.59
3:3:72:PHE:HZ	4:4:14:ASN:HB3	1.66	0.59
23:S:4:LYS:HB3	23:S:6:TYR:HE1	1.67	0.59
1:1:1445:U:OP1	30:e:95:GLY:N	2.32	0.59
5:5:50:LYS:HB2	5:5:340:ILE:HD11	1.83	0.59
1:1:3112:A:HO2'	1:1:3113:A:H8	1.47	0.59
5:5:2:LYS:HD2	5:5:14:PHE:CZ	2.38	0.59
23:S:105:MET:O	23:S:105:MET:HE3	2.03	0.59
21:P:158:PRO:O	42:x:228:ARG:NH2	2.35	0.59
1:1:3351:U:H2'	1:1:3352:A:H8	1.67	0.59
2:2:147:U:H2'	2:2:148:G:C8	2.38	0.59
28:b:435:LEU:HA	28:b:441:VAL:H	1.68	0.59
1:1:238:U:H5'	1:1:240:G:H5'	1.83	0.59
1:1:3317:A:O4'	1:1:3366:G:N2	2.35	0.59
5:5:273:LYS:HB3	42:x:288:GLU:HA	1.85	0.59

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
5:5:274:ARG:HD2	5:5:276:GLN:HE21	1.67	0.59
11:E:32:ARG:NE	11:E:32:ARG:HA	2.18	0.59
20:O:11:ASP:OD2	20:O:38:ARG:NH2	2.25	0.59
20:O:187:PRO:HB2	20:O:191:LYS:HZ1	1.68	0.59
1:1:107:A:O2'	1:1:332:A:N3	2.33	0.59
1:1:121:A:C5	13:G:129:PRO:HG3	2.38	0.59
12:F:125:LYS:O	12:F:130:ILE:HG13	2.03	0.59
23:S:30:ALA:HB1	23:S:35:VAL:HG13	1.85	0.59
5:5:45:VAL:HG11	5:5:48:MET:HE3	1.84	0.59
1:1:502:G:OP1	11:E:128:LYS:NZ	2.35	0.58
4:4:179:LYS:HE3	4:4:214:LYS:HB2	1.84	0.58
12:F:224:ARG:HB3	12:F:227:LYS:HZ1	1.67	0.58
19:N:44:ARG:NH1	19:N:120:TRP:O	2.34	0.58
23:S:131:LYS:HE2	23:S:143:LEU:HD11	1.85	0.58
3:3:179:LEU:HD13	42:x:226:GLN:HG3	1.84	0.58
4:4:77:ILE:O	4:4:124:ARG:NH2	2.36	0.58
1:1:3183:A:P	8:B:366:GLY:H	2.25	0.58
11:E:44:ARG:HB3	11:E:45:PRO:HD2	1.84	0.58
20:O:28:LEU:HD21	20:O:103:LEU:HB2	1.83	0.58
23:S:23:LEU:HD23	45:T:148:PRO:HG3	1.85	0.58
23:S:76:ILE:HD12	23:S:125:VAL:HG22	1.83	0.58
6:6:99:A:N1	37:o:137:SER:HA	2.19	0.58
18:M:51:ILE:HD12	18:M:56:VAL:HB	1.85	0.58
21:P:12:THR:OG1	21:P:13:LYS:N	2.34	0.58
4:4:212:TYR:CE1	4:4:213:THR:HG23	2.38	0.58
5:5:7:ASP:OD2	5:5:11:GLN:NE2	2.37	0.58
42:x:91:ARG:HH21	42:x:221:GLN:HB3	1.68	0.58
1:1:144:U:H2'	1:1:145:G:H8	1.69	0.58
1:1:1253:G:HO2'	1:1:1316:G:H1	1.49	0.58
2:2:135:C:H5''	2:2:137:A:H62	1.67	0.58
18:M:6:ARG:HH11	18:M:58:LEU:HD11	1.69	0.58
9:C:363:ASN:ND2	9:C:363:ASN:O	2.37	0.58
41:v:121:ASP:OD1	41:v:121:ASP:N	2.37	0.58
8:B:383:LEU:HD23	8:B:385:LYS:HG2	1.84	0.58
42:x:24:ASP:HA	42:x:27:GLU:HB2	1.86	0.58
42:x:165:HIS:HB3	42:x:169:GLY:HA3	1.85	0.58
1:1:3345:G:H5'	1:1:3346:U:H5''	1.85	0.58
42:x:198:LEU:HD11	42:x:219:PHE:CD2	2.39	0.58
1:1:587:U:H2'	1:1:588:G:H8	1.69	0.57
5:5:218:ASP:HB3	5:5:221:LEU:HD13	1.85	0.57
6:6:9:C:H2'	6:6:10:U:C6	2.38	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
21:P:12:THR:C	21:P:13:LYS:HD2	2.29	0.57
37:o:106:VAL:HA	37:o:152:GLU:HA	1.86	0.57
1:1:263:A:H2'	1:1:264:G:H8	1.68	0.57
1:1:615:G:O2'	11:E:35:VAL:O	2.21	0.57
1:1:760:C:H4'	1:1:761:U:OP1	2.04	0.57
1:1:3276:A:HO2'	20:O:165:SER:HG	1.51	0.57
9:C:147:ILE:HG13	9:C:148:PRO:HD2	1.86	0.57
1:1:181:A:H2'	1:1:182:G:C8	2.40	0.57
5:5:41:ARG:NH2	42:x:77:GLU:O	2.34	0.57
34:j:29:ILE:HG13	34:j:30:GLN:OE1	2.04	0.57
1:1:391:G:N2	1:1:394:A:OP2	2.37	0.57
1:1:1459:U:H4'	9:C:38:ARG:HD2	1.87	0.57
11:E:72:VAL:HG12	11:E:82:VAL:HG12	1.87	0.57
42:x:270:PHE:HE2	42:x:272:MET:HE2	1.70	0.57
1:1:433:C:H2'	1:1:434:A:H8	1.69	0.57
1:1:1005:A:N6	1:1:1139:U:O4	2.37	0.57
1:1:1271:A:N3	1:1:1280:G:N2	2.51	0.57
1:1:3091:G:N2	1:1:3241:C:OP1	2.33	0.57
6:6:42:U:H2'	6:6:43:G:O4'	2.03	0.57
7:A:142:LEU:HA	15:J:174:MET:HA	1.87	0.57
1:1:3316:G:H2'	1:1:3319:G:H1'	1.85	0.57
3:3:65:LYS:HE3	3:3:76:LEU:HD21	1.86	0.57
5:5:97:TYR:HE2	5:5:116:ILE:HG13	1.70	0.57
14:H:17:VAL:H	14:H:30:GLY:HA2	1.69	0.57
31:f:51:CYS:HB3	31:f:69:TRP:CE3	2.39	0.57
1:1:362:U:O2'	2:2:61:A:N3	2.38	0.57
11:E:61:LEU:HD22	11:E:102:ILE:HG13	1.87	0.57
23:S:76:ILE:HG22	23:S:78:ILE:CD1	2.34	0.57
42:x:101:SER:HA	42:x:127:ARG:HH21	1.69	0.57
1:1:1388:G:H1	3:3:26:ASN:CB	2.09	0.57
3:3:14:GLU:HG3	9:C:34:PRO:HB2	1.87	0.57
4:4:30:LEU:HD13	4:4:71:LEU:HD11	1.87	0.57
4:4:85:SER:HB3	4:4:140:MET:HG2	1.87	0.57
8:B:155:CYS:SG	8:B:156:SER:N	2.78	0.57
20:O:47:HIS:HB3	20:O:135:LYS:HD3	1.87	0.57
1:1:2929:G:N2	1:1:2949:U:O2	2.31	0.56
1:1:3332:U:H3	1:1:3355:G:H1	1.53	0.56
8:B:142:GLN:HA	8:B:145:ASN:HB2	1.86	0.56
13:G:162:LEU:HD21	19:N:45:PRO:HG3	1.88	0.56
21:P:64:ASN:O	21:P:64:ASN:ND2	2.37	0.56
1:1:116:A:O2'	1:1:117:U:OP1	2.18	0.56

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:36:C:O2	9:C:50:GLN:NE2	2.37	0.56
2:2:49:A:HO2'	34:j:59:THR:HG1	1.54	0.56
9:C:212:ASN:ND2	9:C:213:GLU:OE2	2.38	0.56
17:L:110:GLN:HG2	41:v:123:VAL:HG11	1.85	0.56
35:m:248:LEU:HD23	35:m:248:LEU:H	1.70	0.56
37:o:134:LEU:HA	37:o:151:ILE:HA	1.87	0.56
1:1:1004:A:H2'	1:1:1005:A:C8	2.39	0.56
1:1:1198:U:O2	12:F:216:SER:OG	2.23	0.56
1:1:3276:A:O2'	20:O:165:SER:OG	2.22	0.56
1:1:3335:U:O2	1:1:3352:A:N6	2.38	0.56
5:5:136:HIS:NE2	5:5:205:GLU:OE1	2.37	0.56
8:B:84:MET:CE	8:B:162:ALA:HB1	2.35	0.56
13:G:159:PRO:HB2	13:G:162:LEU:HD23	1.87	0.56
21:P:122:ALA:HB3	21:P:143:PRO:HG2	1.87	0.56
1:1:1011:G:N2	1:1:1136:A:N3	2.54	0.56
5:5:90:ALA:HB1	5:5:106:LEU:HB3	1.87	0.56
1:1:703:G:H5''	7:A:276:ARG:NH1	2.21	0.56
1:1:818:A:H4'	1:1:819:G:H5'	1.87	0.56
1:1:3331:U:H3	1:1:3356:A:H61	1.54	0.56
3:3:144:GLU:OE2	42:x:273:ARG:NH1	2.38	0.56
21:P:22:LEU:HD13	21:P:90:PHE:HD2	1.71	0.56
1:1:430:A:H2'	1:1:431:A:C8	2.41	0.56
5:5:43:LYS:HB3	5:5:59:ARG:HD3	1.86	0.56
8:B:197:GLU:O	8:B:201:LYS:NZ	2.39	0.56
21:P:40:SER:HA	21:P:113:ILE:HA	1.87	0.56
21:P:112:LEU:HD11	21:P:150:VAL:HB	1.88	0.56
1:1:1309:A:O2'	1:1:1310:C:O5'	2.23	0.56
1:1:1439:U:OP2	30:e:56:ASN:ND2	2.32	0.56
12:F:95:ARG:NH2	12:F:98:GLY:O	2.39	0.56
13:G:172:LYS:HB2	35:m:207:THR:HG22	1.88	0.56
31:f:39:LYS:NZ	31:f:40:GLU:OE2	2.39	0.56
36:n:419:ILE:HA	36:n:440:ALA:HA	1.87	0.56
1:1:356:A:N6	41:v:2:ALA:O	2.33	0.56
8:B:34:LYS:HD2	8:B:35:ASP:N	2.21	0.56
12:F:234:ASP:OD1	12:F:234:ASP:N	2.38	0.56
21:P:118:GLN:HB3	21:P:147:GLU:HG2	1.86	0.56
23:S:130:LYS:HB3	23:S:133:ASP:OD2	2.05	0.56
1:1:3480:C:H4'	8:B:315:GLY:HA2	1.87	0.56
2:2:118:C:H2'	2:2:119:A:H3'	1.87	0.56
23:S:11:ARG:HD2	23:S:21:PRO:HG2	1.87	0.56
26:X:66:ILE:H	26:X:83:PHE:HA	1.71	0.56

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
42:x:132:GLU:OE1	42:x:134:HIS:NE2	2.38	0.56
1:1:178:U:H3	1:1:254:G:H1	1.53	0.55
1:1:305:A:C8	1:1:307:G:H1'	2.41	0.55
1:1:3183:A:H3'	1:1:3184:G:H8	1.71	0.55
1:1:3278:A:OP1	20:O:38:ARG:NH1	2.39	0.55
7:A:267:VAL:O	7:A:271:GLU:HG2	2.06	0.55
33:i:52:GLU:O	33:i:56:MET:HG3	2.06	0.55
1:1:1379:U:O2'	9:C:294:ASN:OD1	2.21	0.55
1:1:2925:G:H2'	1:1:2926:G:H8	1.71	0.55
8:B:56:ILE:HD12	8:B:356:LEU:HD11	1.88	0.55
8:B:323:MET:HA	8:B:323:MET:HE2	1.86	0.55
28:b:421:ILE:N	43:y:86:ASN:O	2.39	0.55
30:e:33:ARG:O	30:e:40:ARG:NH2	2.39	0.55
33:i:78:LEU:HA	33:i:81:ALA:HB3	1.88	0.55
36:n:89:ARG:N	36:n:89:ARG:HD3	2.22	0.55
1:1:351:U:H4'	9:C:97:ARG:NH2	2.18	0.55
20:O:17:LEU:HD13	20:O:44:ILE:HD11	1.86	0.55
32:h:40:GLY:HA2	32:h:43:LEU:HD13	1.87	0.55
33:i:41:ILE:HG13	35:m:206:PHE:HE2	1.71	0.55
38:r:154:THR:HA	38:r:213:VAL:HA	1.89	0.55
1:1:449:U:H2'	1:1:450:A:C8	2.41	0.55
1:1:546:G:H22	23:S:147:LEU:CD2	2.19	0.55
1:1:985:G:H1	1:1:1173:G:H2'	1.72	0.55
9:C:5:ARG:NH2	9:C:150:VAL:O	2.39	0.55
9:C:221:PHE:HB2	9:C:229:ILE:HD11	1.88	0.55
20:O:188:VAL:HG13	20:O:192:LEU:HD23	1.87	0.55
42:x:86:TYR:HE2	42:x:165:HIS:CE1	2.25	0.55
1:1:26:A:N3	1:1:336:U:O2'	2.37	0.55
1:1:839:A:H2'	1:1:840:A:H5'	1.88	0.55
5:5:71:GLN:HG3	5:5:75:ILE:HG12	1.87	0.55
8:B:46:PHE:HE2	8:B:81:THR:HB	1.71	0.55
11:E:32:ARG:HA	11:E:32:ARG:HE	1.72	0.55
13:G:162:LEU:HD13	19:N:7:LEU:HD11	1.88	0.55
1:1:1308:C:O2'	1:1:1309:A:H8	1.89	0.55
1:1:3211:C:O2	1:1:3213:C:N4	2.33	0.55
1:1:3343:A:OP1	20:O:160:ARG:NH2	2.40	0.55
3:3:60:LEU:HD22	3:3:115:LEU:HB3	1.88	0.55
4:4:110:MET:SD	4:4:157:ILE:HD12	2.47	0.55
5:5:2:LYS:HD2	5:5:14:PHE:CE1	2.42	0.55
9:C:362:GLU:OE1	23:S:25:ARG:NH1	2.40	0.55
27:Y:23:SER:O	27:Y:74:ARG:NH1	2.37	0.55

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:454:G:H1	1:1:498:U:H3	1.55	0.55
1:1:1251:U:H5''	1:1:1317:A:N6	2.22	0.55
1:1:3405:C:OP2	8:B:313:ARG:NH2	2.30	0.55
17:L:23:LYS:HB3	19:N:196:SER:HA	1.88	0.55
33:i:23:ARG:HB2	33:i:26:ARG:HG3	1.87	0.55
1:1:3277:A:H4'	20:O:162:LYS:HD3	1.89	0.55
13:G:211:LEU:HA	13:G:214:ILE:HG22	1.89	0.55
21:P:97:ASN:O	21:P:101:ASN:ND2	2.40	0.55
36:n:188:TYR:HA	36:n:201:ILE:HA	1.89	0.55
1:1:86:G:H1'	1:1:87:U:H5	1.71	0.55
4:4:193:SER:O	4:4:199:ARG:NH2	2.36	0.55
8:B:186:GLY:O	8:B:191:LYS:NZ	2.39	0.55
13:G:161:GLU:CD	19:N:26:ARG:HH22	2.15	0.55
18:M:20:GLU:OE2	18:M:20:GLU:N	2.36	0.55
32:h:96:PRO:HA	32:h:99:GLN:HB3	1.87	0.55
11:E:55:GLY:H	11:E:72:VAL:HG23	1.72	0.55
19:N:122:ASN:OD1	19:N:123:GLN:N	2.40	0.55
19:N:155:VAL:O	19:N:162:ARG:NH2	2.40	0.55
33:i:54:ARG:NH2	33:i:58:LEU:HD21	2.22	0.55
36:n:190:GLN:HA	36:n:199:THR:HA	1.89	0.55
1:1:3147:U:H2'	1:1:3148:G:H8	1.73	0.54
12:F:240:GLU:OE1	12:F:240:GLU:N	2.34	0.54
18:M:29:VAL:N	18:M:38:LEU:O	2.33	0.54
33:i:78:LEU:O	33:i:82:LYS:N	2.38	0.54
34:j:53:ALA:O	34:j:57:ARG:NH1	2.40	0.54
1:1:624:U:H2'	1:1:625:U:C2	2.43	0.54
1:1:3123:A:H1'	28:b:208:GLY:HA2	1.90	0.54
19:N:62:TYR:HD2	19:N:134:LEU:HD12	1.72	0.54
2:2:89:U:O4	27:Y:51:ARG:NH1	2.41	0.54
18:M:25:LEU:HD11	18:M:87:TRP:CD1	2.42	0.54
38:r:200:LYS:H	38:r:220:ILE:HA	1.72	0.54
1:1:3332:U:H2'	1:1:3333:G:C8	2.41	0.54
7:A:264:GLN:O	7:A:268:ASN:N	2.38	0.54
8:B:54:THR:HG22	8:B:55:HIS:H	1.71	0.54
35:m:251:GLU:OE2	35:m:251:GLU:N	2.31	0.54
42:x:88:SER:OG	42:x:89:GLU:N	2.39	0.54
1:1:24:C:O2'	41:v:5:ARG:NH2	2.40	0.54
1:1:204:G:N7	3:3:139:LYS:NZ	2.50	0.54
1:1:248:G:H2'	1:1:249:G:C8	2.41	0.54
1:1:402:U:OP2	42:x:301:ARG:NH1	2.40	0.54
9:C:207:PRO:HG2	9:C:227:VAL:HG22	1.89	0.54

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:3084:U:O2'	1:1:3085:G:O5'	2.19	0.54
2:2:74:A:OP1	32:h:9:ARG:NH2	2.41	0.54
3:3:156:LYS:HD2	3:3:156:LYS:N	2.21	0.54
11:E:128:LYS:HG2	11:E:130:SER:HB3	1.89	0.54
13:G:182:ASN:OD1	13:G:185:ARG:N	2.41	0.54
22:Q:43:PHE:CD2	22:Q:135:GLY:HA3	2.43	0.54
32:h:86:LYS:NZ	34:j:78:PHE:O	2.41	0.54
1:1:1165:G:H2'	1:1:1166:A:H8	1.73	0.54
1:1:118:U:N3	1:1:122:A:OP2	2.34	0.54
1:1:1012:A:H1'	1:1:1013:U:H5	1.72	0.54
8:B:177:HIS:CD2	8:B:335:VAL:HG11	2.42	0.54
1:1:1308:C:O2'	1:1:1309:A:O5'	2.18	0.54
4:4:62:GLN:NE2	12:F:12:SER:O	2.40	0.54
9:C:263:VAL:HG22	9:C:273:LEU:HD12	1.89	0.54
18:M:91:ALA:HA	18:M:94:LYS:HD2	1.90	0.54
19:N:5:LYS:NZ	19:N:9:GLU:OE2	2.31	0.54
1:1:251:U:H2'	1:1:252:A:C8	2.44	0.54
1:1:446:U:N3	1:1:448:U:O2	2.41	0.54
1:1:494:A:H5''	3:3:123:ARG:NH1	2.23	0.54
4:4:153:PHE:HE1	4:4:157:ILE:HG21	1.73	0.54
21:P:59:PRO:O	21:P:61:ARG:NH1	2.42	0.54
34:j:76:ASN:HB3	34:j:79:ARG:HD3	1.90	0.54
1:1:1317:A:H8	1:1:1318:A:H1'	1.73	0.53
1:1:2932:A:O2'	1:1:2945:G:N2	2.41	0.53
1:1:3275:A:O2'	20:O:118:ARG:NH2	2.40	0.53
9:C:41:HIS:HA	9:C:44:VAL:HG12	1.90	0.53
12:F:95:ARG:HB2	12:F:115:LEU:HD22	1.90	0.53
1:1:525:G:H2'	1:1:526:G:H8	1.74	0.53
1:1:1250:C:O2'	1:1:1317:A:N7	2.41	0.53
1:1:3134:U:H4'	8:B:65:SER:HA	1.90	0.53
1:1:3299:U:O4	1:1:3300:A:N6	2.41	0.53
12:F:191:LEU:HD21	12:F:209:LEU:HD21	1.90	0.53
31:f:38:SER:OG	31:f:40:GLU:OE1	2.26	0.53
33:i:60:ARG:HH21	33:i:92:ILE:HD13	1.73	0.53
35:m:255:GLU:HB2	35:m:256:ARG:HH12	1.69	0.53
42:x:245:HIS:HB3	42:x:263:LEU:HD12	1.90	0.53
1:1:7:C:H2'	1:1:8:C:C6	2.43	0.53
4:4:81:ILE:HD13	4:4:137:TYR:CE1	2.44	0.53
11:E:120:THR:HG22	11:E:121:LYS:H	1.72	0.53
27:Y:56:THR:HG23	27:Y:106:THR:HG21	1.89	0.53
30:e:79:VAL:HG21	30:e:109:ALA:HB2	1.90	0.53

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:3369:A:OP2	11:E:64:ARG:NH2	2.41	0.53
1:1:607:G:H5''	31:f:107:ASN:HD21	1.73	0.53
3:3:90:LEU:HD23	3:3:112:LEU:HD23	1.90	0.53
5:5:68:ASN:ND2	5:5:71:GLN:OE1	2.42	0.53
9:C:246:LEU:H	9:C:246:LEU:HD12	1.72	0.53
20:O:49:PHE:HA	20:O:52:LYS:HB3	1.90	0.53
35:m:241:ALA:HB1	35:m:247:ILE:HG13	1.91	0.53
42:x:114:GLU:OE2	42:x:181:THR:OG1	2.22	0.53
1:1:57:A:H4'	19:N:157:LYS:HB2	1.88	0.53
9:C:10:ILE:HA	9:C:153:VAL:HG23	1.90	0.53
9:C:142:HIS:HB3	9:C:144:ILE:HG23	1.91	0.53
12:F:115:LEU:HD23	12:F:120:ASN:HB2	1.90	0.53
36:n:15:ILE:O	36:n:66:THR:HG23	2.09	0.53
1:1:53:G:OP1	34:j:48:ASN:N	2.37	0.53
1:1:607:G:H5''	31:f:107:ASN:ND2	2.24	0.53
4:4:118:PHE:HB3	4:4:172:VAL:HG11	1.91	0.53
19:N:104:GLU:HA	19:N:160:GLU:HG3	1.91	0.53
42:x:34:LYS:O	42:x:38:LYS:HG2	2.09	0.53
42:x:160:ALA:HA	42:x:175:THR:HA	1.91	0.53
1:1:404:A:OP2	42:x:301:ARG:NH2	2.40	0.53
1:1:1325:A:H2'	1:1:1326:G:C8	2.44	0.53
8:B:214:MET:CE	8:B:350:ALA:HB2	2.38	0.53
23:S:7:GLN:NE2	23:S:25:ARG:HE	2.07	0.53
34:j:27:PHE:HA	34:j:34:CYS:HA	1.91	0.53
1:1:347:C:OP1	9:C:197:ARG:NH1	2.41	0.53
1:1:691:G:H1	1:1:828:U:H3	1.56	0.53
1:1:1016:G:N1	1:1:1170:G:OP1	2.42	0.53
1:1:1020:U:H2'	1:1:1021:A:H8	1.73	0.53
1:1:3407:U:O2'	1:1:3409:C:OP2	2.27	0.53
6:6:62:U:H3	6:6:81:A:H61	1.56	0.53
1:1:265:C:O2'	1:1:266:G:O4'	2.23	0.53
1:1:628:U:H2'	1:1:629:G:O4'	2.08	0.53
2:2:65:C:H4'	2:2:71:G:C8	2.45	0.53
12:F:114:ARG:NH1	12:F:206:ALA:O	2.42	0.53
13:G:139:VAL:HG11	13:G:197:VAL:HG21	1.91	0.53
23:S:68:PRO:O	23:S:96:THR:OG1	2.23	0.53
26:X:41:ARG:HG3	26:X:43:PRO:HD3	1.90	0.53
1:1:481:A:OP1	3:3:61:TYR:OH	2.25	0.52
1:1:3144:C:H4'	8:B:53:MET:HE1	1.91	0.52
5:5:230:HIS:CD2	5:5:255:PRO:HB3	2.44	0.52
5:5:278:SER:HB3	5:5:290:ARG:HG3	1.90	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
36:n:94:ALA:HB1	36:n:102:THR:HG23	1.90	0.52
42:x:178:ASN:O	42:x:178:ASN:ND2	2.30	0.52
5:5:2:LYS:H	5:5:343:ASN:HB3	1.73	0.52
1:1:964:U:H4'	1:1:965:A:H2'	1.91	0.52
36:n:243:LEU:HA	36:n:267:GLU:HA	1.91	0.52
1:1:1337:G:C6	20:O:63:CYS:HA	2.44	0.52
1:1:3117:A:N6	1:1:3129:A:OP2	2.41	0.52
5:5:47:PHE:HB2	5:5:95:MET:HE2	1.91	0.52
8:B:222:ARG:HA	8:B:331:PRO:HD3	1.91	0.52
13:G:104:GLU:HA	13:G:107:GLN:HB3	1.90	0.52
19:N:10:LEU:O	19:N:19:ASN:ND2	2.40	0.52
38:r:11:ILE:O	38:r:15:GLY:N	2.43	0.52
42:x:190:ARG:O	42:x:246:ARG:NH1	2.42	0.52
13:G:90:VAL:HA	13:G:214:ILE:HD11	1.92	0.52
35:m:249:THR:OG1	35:m:250:SER:N	2.43	0.52
41:v:174:TYR:CG	41:v:182:MET:HE1	2.44	0.52
1:1:8:C:H5''	19:N:41:ARG:HH22	1.75	0.52
1:1:1267:G:N2	1:1:1275:A:OP1	2.41	0.52
1:1:3477:A:H5'	1:1:3478:G:H5''	1.91	0.52
5:5:184:ASN:O	5:5:244:ARG:NH2	2.43	0.52
23:S:25:ARG:HH22	23:S:27:ARG:HD2	1.74	0.52
36:n:29:THR:HG22	36:n:30:LEU:H	1.74	0.52
1:1:674:A:O2'	1:1:675:C:OP1	2.28	0.52
6:6:58:A:O5'	16:K:247:ILE:HA	2.09	0.52
8:B:107:ALA:HB1	8:B:200:GLU:HG3	1.92	0.52
18:M:53:TYR:HA	18:M:56:VAL:HG12	1.91	0.52
1:1:680:C:OP2	30:e:24:ARG:NH1	2.35	0.52
5:5:233:GLN:OE1	5:5:235:ARG:NH2	2.37	0.52
8:B:125:SER:OG	8:B:126:LYS:N	2.43	0.52
8:B:206:LYS:NZ	8:B:285:ILE:O	2.37	0.52
23:S:79:ARG:NH1	23:S:80:TYR:O	2.42	0.52
1:1:430:A:H2'	1:1:431:A:H8	1.73	0.52
1:1:1333:A:H4'	1:1:1334:A:OP1	2.10	0.52
5:5:301:ILE:HG12	5:5:310:ILE:HG13	1.92	0.52
6:6:59:A:H2'	6:6:60:U:O4'	2.10	0.52
20:O:110:PRO:HB2	20:O:112:PRO:HD2	1.92	0.52
24:V:33:ALA:HA	24:V:67:GLY:HA3	1.92	0.52
1:1:1163:C:H2'	1:1:1164:A:C8	2.44	0.52
2:2:130:G:H2'	2:2:131:G:C8	2.45	0.52
4:4:112:ARG:O	4:4:116:ALA:N	2.37	0.52
5:5:16:GLU:HB3	5:5:32:VAL:HB	1.91	0.52

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
5:5:207:ILE:HG22	5:5:266:LYS:HG2	1.93	0.52
8:B:312:VAL:HG12	8:B:313:ARG:HG2	1.90	0.52
12:F:17:GLU:HA	12:F:20:LEU:HD23	1.92	0.52
12:F:63:ARG:O	12:F:67:ARG:N	2.39	0.52
35:m:228:SER:HB2	35:m:231:GLU:HG3	1.91	0.52
1:1:545:A:N6	1:1:547:G:N3	2.58	0.51
5:5:49:LEU:HD12	5:5:96:LYS:HA	1.91	0.51
5:5:160:THR:O	5:5:162:LYS:N	2.41	0.51
8:B:214:MET:HE2	8:B:350:ALA:HB2	1.92	0.51
9:C:208:LEU:HD23	9:C:250:VAL:HG22	1.92	0.51
9:C:218:VAL:HA	9:C:229:ILE:HD12	1.91	0.51
20:O:22:SER:HB2	20:O:88:MET:HE1	1.91	0.51
42:x:60:VAL:HG22	42:x:303:LYS:HA	1.92	0.51
1:1:448:U:H4'	42:x:103:ARG:HD2	1.92	0.51
1:1:2440:A:H2'	1:1:2441:G:C8	2.46	0.51
1:1:3188:U:OP2	1:1:3190:A:N6	2.36	0.51
1:1:3315:A:N1	11:E:176:GLU:HB2	2.25	0.51
1:1:3319:G:H5''	1:1:3320:A:H5'	1.93	0.51
6:6:50:U:H3'	6:6:51:G:H8	1.73	0.51
7:A:188:VAL:N	7:A:203:TYR:O	2.40	0.51
20:O:11:ASP:HB2	20:O:118:ARG:HB3	1.92	0.51
1:1:182:G:H1	1:1:250:A:N6	2.07	0.51
1:1:1183:G:H2'	1:1:1183:G:N3	2.25	0.51
3:3:165:LEU:HD23	42:x:261:THR:HG21	1.93	0.51
8:B:34:LYS:HD2	8:B:34:LYS:C	2.35	0.51
11:E:129:ARG:HG3	11:E:130:SER:H	1.76	0.51
1:1:3083:C:H5''	20:O:66:ASN:HB2	1.92	0.51
1:1:3156:C:H4'	1:1:3473:A:N3	2.24	0.51
1:1:3193:U:H1'	8:B:277:GLN:NE2	2.25	0.51
5:5:2:LYS:HG3	5:5:342:ILE:HD12	1.92	0.51
11:E:96:VAL:HG11	11:E:101:VAL:HG23	1.93	0.51
2:2:75:U:H2'	2:2:76:G:H8	1.75	0.51
12:F:147:ASN:CG	12:F:243:ASN:HD21	2.19	0.51
17:L:31:ARG:HH11	17:L:35:ARG:HH12	1.58	0.51
1:1:166:A:H61	1:1:268:U:H3	1.58	0.51
1:1:452:C:H2'	1:1:453:U:H6	1.75	0.51
1:1:1150:C:H2'	1:1:1151:A:C8	2.46	0.51
1:1:1308:C:HO2'	1:1:1309:A:P	2.33	0.51
1:1:1364:C:O2'	12:F:214:LEU:O	2.26	0.51
21:P:109:MET:N	21:P:109:MET:SD	2.84	0.51
1:1:20:A:H2'	1:1:21:G:C8	2.46	0.51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:3434:G:H1'	1:1:3471:A:H61	1.76	0.51
5:5:154:LEU:HB2	5:5:180:PHE:HB3	1.92	0.51
9:C:101:MET:HE2	9:C:104:PRO:HA	1.93	0.51
11:E:93:ILE:HD11	11:E:160:VAL:HG21	1.92	0.51
40:u:22:VAL:HA	40:u:28:VAL:HA	1.93	0.51
43:y:107:ILE:HA	43:y:147:LEU:HA	1.92	0.51
1:1:590:U:O5'	1:1:591:G:H5''	2.11	0.51
1:1:723:C:OP2	9:C:121:ARG:NH2	2.44	0.51
1:1:3357:C:H2'	1:1:3358:U:H4'	1.91	0.51
4:4:50:TYR:HA	4:4:53:TRP:HB3	1.92	0.51
7:A:139:GLY:HA3	7:A:221:ILE:HA	1.93	0.51
14:H:86:PHE:HA	14:H:184:ASN:HA	1.92	0.51
30:e:29:TRP:CD1	30:e:50:PRO:HG2	2.45	0.51
42:x:77:GLU:HG2	42:x:206:ARG:HH22	1.74	0.51
1:1:676:G:O2'	1:1:1469:A:OP1	2.30	0.51
1:1:3369:A:N3	1:1:3369:A:H5'	2.25	0.51
1:1:3433:U:H3'	1:1:3434:G:H8	1.76	0.51
2:2:160:G:OP2	13:G:60:ARG:NE	2.44	0.51
8:B:76:VAL:HB	8:B:323:MET:SD	2.51	0.51
18:M:73:ILE:HG23	18:M:76:LYS:HE3	1.93	0.51
1:1:257:A:H62	17:L:134:LYS:NZ	2.09	0.50
5:5:135:LEU:HD11	5:5:171:TRP:HZ2	1.75	0.50
36:n:249:ILE:HA	36:n:263:TYR:HA	1.94	0.50
1:1:614:G:O2'	9:C:312:ARG:NH1	2.44	0.50
21:P:17:ALA:HB3	21:P:148:ILE:HD11	1.94	0.50
23:S:8:VAL:HG13	23:S:26:MET:HB2	1.93	0.50
42:x:154:ASP:HB2	42:x:159:ASN:HD21	1.77	0.50
1:1:443:C:H2'	1:1:444:A:C8	2.47	0.50
1:1:1017:U:H2'	1:1:1018:U:C6	2.46	0.50
1:1:3203:C:H2'	1:1:3204:G:C8	2.47	0.50
2:2:130:G:H2'	2:2:131:G:H8	1.76	0.50
3:3:133:LEU:HB3	30:e:123:VAL:HG22	1.94	0.50
4:4:52:MET:HE3	4:4:105:LYS:HG3	1.93	0.50
12:F:117:GLN:OE1	12:F:213:LYS:NZ	2.43	0.50
12:F:128:LYS:HE2	45:T:133:ALA:H	1.77	0.50
14:H:13:ILE:H	14:H:52:THR:HA	1.76	0.50
17:L:106:GLU:HG2	33:i:16:THR:HG23	1.94	0.50
18:M:26:ALA:HA	18:M:41:SER:HB2	1.93	0.50
1:1:150:A:H1'	19:N:57:GLN:HE21	1.77	0.50
1:1:504:A:H3'	1:1:505:G:H8	1.77	0.50
1:1:1004:A:H2'	1:1:1005:A:H8	1.76	0.50

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:1180:G:N2	1:1:1185:A:OP1	2.39	0.50
1:1:132:C:H2'	1:1:133:A:O4'	2.11	0.50
1:1:297:A:O2'	19:N:95:GLN:O	2.28	0.50
1:1:2996:G:N2	1:1:3126:G:O2'	2.44	0.50
7:A:194:ALA:N	7:A:197:LYS:O	2.41	0.50
18:M:9:GLU:OE1	23:S:148:LYS:HE3	2.11	0.50
18:M:38:LEU:HD22	18:M:50:VAL:HG12	1.93	0.50
20:O:127:VAL:HG23	20:O:128:LEU:HD12	1.92	0.50
23:S:24:PHE:HB3	45:T:151:LEU:HD13	1.93	0.50
1:1:101:G:OP2	1:1:101:G:N2	2.36	0.50
1:1:361:G:O6	34:j:52:LYS:HE3	2.11	0.50
1:1:3117:A:H4'	1:1:3119:U:H1'	1.94	0.50
1:1:3193:U:H2'	1:1:3194:G:C8	2.46	0.50
1:1:3422:G:H2'	1:1:3423:A:H8	1.77	0.50
5:5:170:LEU:HB3	5:5:171:TRP:CE3	2.46	0.50
12:F:172:ASP:HB3	12:F:175:ILE:HG13	1.93	0.50
18:M:7:TYR:CD2	23:S:148:LYS:HE2	2.45	0.50
22:Q:63:ILE:HG22	22:Q:91:ASP:H	1.76	0.50
27:Y:59:ARG:HB2	27:Y:102:LYS:HD3	1.92	0.50
42:x:141:ALA:HB2	42:x:166:LEU:HD23	1.92	0.50
1:1:613:A:H1'	1:1:1368:A:H5''	1.94	0.50
1:1:1208:G:N7	31:f:21:LYS:NZ	2.55	0.50
8:B:84:MET:HE2	8:B:162:ALA:HB1	1.94	0.50
8:B:361:THR:OG1	8:B:371:GLN:O	2.30	0.50
11:E:191:HIS:NE2	31:f:41:GLU:OE2	2.45	0.50
18:M:123:GLN:HG3	20:O:186:SER:HB2	1.93	0.50
1:1:1277:G:H2'	1:1:1278:U:C6	2.47	0.50
2:2:151:U:OP1	19:N:38:ARG:NH2	2.45	0.50
13:G:67:LEU:O	13:G:236:GLY:N	2.45	0.50
16:K:240:HIS:HA	16:K:250:PRO:HA	1.92	0.50
19:N:152:VAL:HB	32:h:94:LEU:HD11	1.93	0.50
34:j:21:ARG:NH2	34:j:37:CYS:O	2.45	0.50
21:P:97:ASN:OD1	21:P:101:ASN:ND2	2.45	0.50
5:5:49:LEU:HD11	5:5:97:TYR:HB3	1.93	0.49
13:G:156:ASP:N	13:G:156:ASP:OD1	2.44	0.49
19:N:17:ASP:OD1	19:N:18:VAL:N	2.44	0.49
41:v:54:GLY:HA2	41:v:134:LYS:HZ2	1.77	0.49
42:x:42:LYS:HA	42:x:45:LEU:HD21	1.93	0.49
42:x:162:THR:HB	42:x:173:TYR:HD1	1.76	0.49
1:1:460:G:N2	1:1:492:U:O2	2.45	0.49
4:4:43:LYS:NZ	7:A:292:ASN:OD1	2.44	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
20:O:79:ARG:HA	20:O:82:GLN:HB3	1.92	0.49
23:S:73:VAL:C	23:S:74:PHE:HD1	2.20	0.49
23:S:114:ARG:O	23:S:114:ARG:HG2	2.11	0.49
38:r:149:MET:HA	38:r:171:ILE:H	1.77	0.49
42:x:270:PHE:CE2	42:x:272:MET:HE2	2.47	0.49
1:1:646:A:O2'	1:1:647:A:OP2	2.31	0.49
1:1:170:G:OP1	41:v:199:LYS:NZ	2.40	0.49
1:1:461:A:O2'	1:1:463:C:N4	2.45	0.49
1:1:1437:C:OP1	30:e:8:LYS:NZ	2.45	0.49
4:4:158:LEU:HA	4:4:161:LEU:HB2	1.94	0.49
9:C:5:ARG:NH2	9:C:149:GLU:OE2	2.45	0.49
20:O:48:PHE:HA	20:O:137:CYS:HB3	1.95	0.49
36:n:122:ARG:HD2	36:n:123:TYR:CE1	2.47	0.49
41:v:12:SER:OG	41:v:13:GLY:N	2.45	0.49
1:1:1022:U:H3	1:1:1091:G:H22	1.59	0.49
1:1:1205:G:H2'	1:1:1206:C:C6	2.48	0.49
1:1:3406:A:O2'	1:1:3411:A:N1	2.42	0.49
1:1:3430:U:H4'	8:B:308:MET:HB3	1.94	0.49
5:5:158:ASN:HB3	5:5:161:CYS:SG	2.52	0.49
7:A:122:VAL:HA	7:A:232:ILE:HA	1.94	0.49
9:C:106:LYS:HD2	9:C:108:TRP:CZ2	2.47	0.49
12:F:243:ASN:O	12:F:247:GLN:HG2	2.13	0.49
13:G:70:LYS:HG3	35:m:199:TYR:CZ	2.48	0.49
13:G:80:LYS:HE3	13:G:229:SER:HB2	1.93	0.49
17:L:55:ARG:NH1	17:L:73:ARG:O	2.40	0.49
19:N:142:ILE:HG23	19:N:148:ILE:HG23	1.94	0.49
2:2:30:U:OP1	27:Y:11:ARG:NH2	2.41	0.49
5:5:6:GLY:N	5:5:48:MET:HE1	2.26	0.49
5:5:96:LYS:HD3	5:5:134:GLU:HG2	1.94	0.49
5:5:238:ASP:OD1	5:5:239:THR:N	2.46	0.49
5:5:298:PRO:HA	5:5:312:GLY:HA2	1.94	0.49
9:C:177:TYR:CE2	9:C:181:ILE:HD11	2.47	0.49
18:M:25:LEU:HD11	18:M:87:TRP:CG	2.47	0.49
23:S:74:PHE:HE2	23:S:98:ARG:HA	1.78	0.49
1:1:976:C:O2'	30:e:30:ARG:NH1	2.45	0.49
18:M:105:LEU:HD22	18:M:109:ASP:HB3	1.94	0.49
20:O:149:LYS:HG3	20:O:150:TYR:CD1	2.48	0.49
1:1:654:U:H2'	1:1:655:C:C6	2.46	0.49
1:1:2925:G:H2'	1:1:2926:G:C8	2.47	0.49
5:5:111:LEU:HB2	5:5:124:LEU:HB2	1.94	0.49
6:6:56:A:O2'	6:6:57:A:H5'	2.12	0.49

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
6:6:84:U:H2'	6:6:85:U:C6	2.48	0.49
8:B:45:ALA:H	8:B:181:ILE:HG23	1.77	0.49
13:G:122:ALA:O	13:G:126:SER:OG	2.29	0.49
33:i:22:GLU:OE2	33:i:27:ARG:NH2	2.46	0.49
33:i:34:ARG:HG3	35:m:215:LEU:HD21	1.95	0.49
1:1:446:U:O4	1:1:448:U:N3	2.45	0.49
1:1:447:C:H2'	1:1:448:U:C6	2.48	0.49
1:1:480:G:O2'	3:3:79:ARG:NH2	2.46	0.49
2:2:46:U:H3'	2:2:47:G:H5'	1.94	0.49
3:3:98:LEU:HD13	12:F:13:ILE:HG21	1.95	0.49
36:n:80:LYS:HG3	36:n:113:TYR:HB3	1.94	0.49
1:1:1255:C:H2'	1:1:1256:A:O4'	2.13	0.49
1:1:1420:U:H5'	9:C:143:ARG:NH2	2.28	0.49
1:1:3103:U:H2'	1:1:3104:G:C8	2.43	0.49
2:2:132:G:H1	2:2:137:A:N6	2.09	0.49
5:5:272:ASP:OD1	5:5:276:GLN:N	2.32	0.49
17:L:123:LEU:HD21	17:L:125:VAL:HG13	1.94	0.49
21:P:32:VAL:O	21:P:36:ILE:HG22	2.13	0.49
23:S:4:LYS:HB3	23:S:6:TYR:CE1	2.47	0.49
41:v:54:GLY:HA2	41:v:134:LYS:NZ	2.28	0.49
1:1:619:G:H2'	1:1:620:C:C6	2.48	0.48
1:1:2926:G:H22	1:1:2952:C:H42	1.59	0.48
1:1:3433:U:H3'	1:1:3434:G:C8	2.48	0.48
2:2:44:G:C5	32:h:88:ARG:HD3	2.47	0.48
4:4:147:ASN:OD1	4:4:148:THR:N	2.45	0.48
21:P:10:LEU:H	21:P:10:LEU:HD12	1.78	0.48
1:1:976:C:O2'	1:1:1441:A:O2'	2.30	0.48
2:2:75:U:H2'	2:2:76:G:C8	2.47	0.48
19:N:37:HIS:CE1	19:N:63:ARG:HG3	2.48	0.48
20:O:38:ARG:HG3	20:O:109:ILE:HD11	1.95	0.48
20:O:47:HIS:CE1	20:O:49:PHE:HB3	2.48	0.48
28:b:255:MET:O	28:b:289:ASN:N	2.47	0.48
1:1:757:G:O5'	22:Q:136:SER:OG	2.31	0.48
1:1:1277:G:O2'	1:1:1295:G:OP2	2.22	0.48
1:1:3403:U:H1'	1:1:3414:U:C2	2.48	0.48
4:4:52:MET:HE1	4:4:61:GLN:HB2	1.96	0.48
4:4:87:PHE:HA	4:4:90:THR:HG22	1.94	0.48
5:5:65:GLU:HB2	5:5:76:LEU:HD11	1.94	0.48
6:6:9:C:C6	16:K:145:ARG:HA	2.48	0.48
13:G:120:LYS:N	13:G:120:LYS:HD2	2.28	0.48
21:P:22:LEU:HD13	21:P:90:PHE:CD2	2.48	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
34:j:46:SER:C	34:j:47:TYR:HD1	2.21	0.48
42:x:178:ASN:HD22	42:x:178:ASN:C	2.18	0.48
1:1:359:A:H2	1:1:374:A:H61	1.61	0.48
1:1:485:U:H2'	1:1:486:G:C8	2.40	0.48
1:1:1176:G:H5'	30:e:43:PHE:CE1	2.48	0.48
1:1:1387:A:H5'	1:1:1391:G:H21	1.77	0.48
1:1:3352:A:H3'	1:1:3353:U:H5''	1.96	0.48
4:4:46:LYS:NZ	4:4:94:GLU:OE1	2.24	0.48
6:6:57:A:N1	6:6:86:U:O2'	2.45	0.48
18:M:19:GLY:O	18:M:22:THR:OG1	2.21	0.48
42:x:162:THR:HB	42:x:173:TYR:CD1	2.48	0.48
1:1:86:G:O2'	1:1:98:G:O6	2.31	0.48
1:1:665:U:H3	1:1:674:A:H61	1.61	0.48
1:1:832:G:H22	9:C:103:ALA:HA	1.79	0.48
5:5:258:HIS:NE2	5:5:299:SER:O	2.46	0.48
5:5:339:ILE:HD12	5:5:340:ILE:H	1.78	0.48
8:B:290:ASP:O	8:B:293:ASN:ND2	2.47	0.48
27:Y:66:GLU:OE1	27:Y:67:GLY:N	2.46	0.48
35:m:231:GLU:O	35:m:235:ILE:HD12	2.13	0.48
42:x:179:LEU:HD12	42:x:270:PHE:HB3	1.95	0.48
1:1:3193:U:H2'	1:1:3194:G:H8	1.78	0.48
1:1:3338:A:H2'	1:1:3339:A:C8	2.49	0.48
5:5:92:ILE:CD1	5:5:104:LEU:HG	2.44	0.48
8:B:62:ARG:HD2	8:B:65:SER:HB2	1.94	0.48
17:L:80:LEU:HD21	17:L:90:ALA:HB2	1.94	0.48
36:n:79:GLN:OE1	36:n:79:GLN:HA	2.14	0.48
1:1:3217:U:H4'	1:1:3218:A:OP1	2.13	0.48
4:4:197:VAL:HG21	9:C:301:ILE:HG22	1.96	0.48
8:B:295:SER:HB3	8:B:303:LYS:HG2	1.96	0.48
19:N:119:TYR:HE1	19:N:133:ILE:HD11	1.79	0.48
20:O:51:ASN:HA	20:O:54:LYS:HB2	1.95	0.48
20:O:74:PHE:CD2	20:O:79:ARG:HG2	2.48	0.48
22:Q:146:HIS:CE1	22:Q:148:ARG:HA	2.49	0.48
27:Y:35:SER:OG	27:Y:37:GLU:OE2	2.31	0.48
36:n:50:LYS:HD2	36:n:51:LYS:N	2.29	0.48
42:x:134:HIS:HB3	42:x:283:ASP:OD1	2.14	0.48
1:1:1400:A:O2'	30:e:42:ARG:NH2	2.46	0.48
1:1:3210:A:OP2	1:1:3211:C:O2'	2.29	0.48
5:5:135:LEU:HD11	5:5:171:TRP:CZ2	2.49	0.48
8:B:36:ASP:OD1	8:B:36:ASP:N	2.46	0.48
9:C:141:GLY:O	9:C:182:LYS:NZ	2.37	0.48

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
13:G:84:LYS:HB2	26:X:15:LYS:NZ	2.29	0.48
17:L:102:ARG:HH21	33:i:23:ARG:NH1	2.12	0.48
24:V:137:THR:HA	43:y:101:LEU:HA	1.95	0.48
30:e:16:ARG:HE	30:e:30:ARG:HG3	1.79	0.48
1:1:3099:G:O2'	8:B:92:TYR:OH	2.22	0.48
1:1:3278:A:H2'	1:1:3279:A:C8	2.49	0.48
19:N:7:LEU:HB3	19:N:46:ASP:OD2	2.14	0.48
23:S:72:LYS:HD3	23:S:127:GLU:HG3	1.95	0.48
35:m:240:TYR:CE1	35:m:244:LYS:HG3	2.48	0.48
1:1:63:A:OP1	19:N:169:LYS:NZ	2.46	0.48
1:1:216:A:H4'	1:1:218:A:N7	2.29	0.48
1:1:302:U:H5'	33:i:74:ARG:HG3	1.96	0.48
1:1:3203:C:H2'	1:1:3204:G:H8	1.79	0.48
5:5:71:GLN:HE21	5:5:75:ILE:H	1.61	0.48
8:B:55:HIS:HB2	8:B:73:LEU:HD11	1.96	0.48
8:B:56:ILE:HG23	8:B:76:VAL:HG21	1.96	0.48
42:x:289:VAL:HG11	42:x:292:GLU:HB2	1.96	0.48
5:5:138:ARG:HH22	5:5:220:SER:HB3	1.79	0.47
5:5:169:GLU:HA	5:5:172:ARG:HH22	1.78	0.47
12:F:151:VAL:HG21	12:F:196:TYR:HB2	1.96	0.47
12:F:222:ARG:HG2	12:F:223:GLU:H	1.78	0.47
17:L:46:ILE:HB	17:L:49:ARG:HG2	1.96	0.47
19:N:96:ARG:HD3	19:N:100:CYS:SG	2.54	0.47
23:S:5:GLU:C	23:S:6:TYR:HD1	2.22	0.47
42:x:31:GLU:O	42:x:34:LYS:HE3	2.14	0.47
1:1:305:A:C8	33:i:29:GLY:HA2	2.48	0.47
1:1:320:C:H2'	1:1:321:A:H8	1.79	0.47
1:1:656:A:N3	31:f:92:ALA:HB3	2.29	0.47
1:1:1002:A:H61	1:1:1142:U:H3	1.62	0.47
1:1:1444:C:H4'	30:e:72:LEU:HD21	1.96	0.47
2:2:57:G:H2'	2:2:58:C:C6	2.49	0.47
8:B:289:ASP:N	8:B:289:ASP:OD1	2.43	0.47
9:C:108:TRP:CE3	17:L:22:VAL:HG21	2.49	0.47
9:C:335:LYS:N	9:C:335:LYS:HD3	2.29	0.47
11:E:44:ARG:O	11:E:45:PRO:C	2.55	0.47
11:E:184:LEU:HD23	11:E:184:LEU:H	1.79	0.47
12:F:114:ARG:HD3	12:F:211:PRO:HD3	1.96	0.47
42:x:44:ARG:NH2	42:x:45:LEU:HD23	2.28	0.47
42:x:60:VAL:HG21	42:x:303:LYS:HG3	1.96	0.47
1:1:1423:G:H5''	30:e:98:SER:HB3	1.96	0.47
1:1:3222:C:H2'	1:1:3223:A:C8	2.49	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:3369:A:O2'	11:E:147:ASN:O	2.30	0.47
8:B:121:ASN:HB3	8:B:124:LYS:HB3	1.96	0.47
8:B:311:PHE:N	8:B:315:GLY:O	2.30	0.47
9:C:353:GLY:H	12:F:78:ALA:HA	1.78	0.47
32:h:6:PHE:CD1	32:h:6:PHE:C	2.92	0.47
1:1:59:G:H2'	2:2:41:A:H2'	1.96	0.47
1:1:120:G:H22	13:G:126:SER:HB2	1.80	0.47
1:1:379:G:H4'	1:1:404:A:N1	2.30	0.47
1:1:1010:A:N7	1:1:1135:G:C6	2.82	0.47
1:1:3286:U:H3	1:1:3301:C:N4	2.11	0.47
4:4:59:LEU:HD13	12:F:13:ILE:HD12	1.95	0.47
5:5:310:ILE:HD13	5:5:320:PHE:HD2	1.79	0.47
8:B:39:LYS:O	8:B:186:GLY:N	2.45	0.47
8:B:313:ARG:O	8:B:333:LYS:HE3	2.13	0.47
10:D:231:GLY:HA2	33:i:19:GLN:HB3	1.96	0.47
18:M:49:GLN:OE1	18:M:50:VAL:N	2.47	0.47
23:S:130:LYS:HG3	23:S:132:GLU:H	1.80	0.47
34:j:34:CYS:SG	34:j:35:ALA:N	2.87	0.47
1:1:361:G:C6	34:j:52:LYS:HE3	2.50	0.47
1:1:371:C:OP2	34:j:56:ARG:NH1	2.41	0.47
1:1:777:C:H2'	1:1:778:G:H5''	1.97	0.47
1:1:1009:C:O2	1:1:1009:C:O4'	2.33	0.47
4:4:180:ALA:HB3	4:4:182:TRP:CE2	2.50	0.47
11:E:77:GLU:CD	11:E:78:ASP:H	2.22	0.47
12:F:221:TRP:CH2	12:F:249:MET:HE1	2.50	0.47
21:P:48:LEU:HD13	21:P:88:VAL:HG12	1.97	0.47
32:h:56:ILE:O	32:h:60:ILE:HG22	2.15	0.47
33:i:56:MET:HA	33:i:59:ILE:HG22	1.96	0.47
1:1:522:G:H1	1:1:604:U:H3	1.62	0.47
1:1:841:G:H2'	1:1:842:A:C8	2.50	0.47
3:3:29:ARG:O	3:3:29:ARG:HG2	2.15	0.47
8:B:31:ALA:O	8:B:339:ARG:NH2	2.48	0.47
9:C:328:SER:O	12:F:48:ARG:NH2	2.47	0.47
11:E:174:MET:HE2	11:E:174:MET:HA	1.97	0.47
14:H:80:ILE:O	14:H:85:GLY:N	2.47	0.47
21:P:48:LEU:HA	21:P:51:VAL:HG23	1.97	0.47
39:t:160:GLY:HA2	39:t:208:LEU:HA	1.95	0.47
1:1:249:G:H2'	1:1:250:A:O4'	2.14	0.47
1:1:511:C:H4'	11:E:97:ASN:HD21	1.78	0.47
1:1:982:G:N1	1:1:1402:U:OP2	2.33	0.47
4:4:141:TRP:HB3	4:4:146:PHE:HD2	1.79	0.47

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
9:C:363:ASN:OXT	23:S:27:ARG:NH1	2.48	0.47
11:E:165:LEU:HD12	11:E:168:ILE:HD11	1.97	0.47
18:M:111:PHE:O	18:M:114:MET:HB3	2.14	0.47
20:O:51:ASN:HA	20:O:54:LYS:HE3	1.95	0.47
32:h:3:LEU:N	32:h:52:ASP:OD2	2.48	0.47
32:h:45:LYS:HE3	32:h:49:THR:HB	1.96	0.47
33:i:77:THR:HG22	33:i:79:LYS:H	1.79	0.47
42:x:6:ASN:O	42:x:10:ARG:NH1	2.48	0.47
1:1:1017:U:H2'	1:1:1018:U:H6	1.79	0.47
13:G:149:LYS:HE3	13:G:208:LYS:NZ	2.30	0.47
18:M:31:ILE:H	18:M:31:ILE:HD12	1.80	0.47
41:v:133:ALA:HB1	41:v:138:VAL:HG13	1.95	0.47
41:v:160:SER:OG	41:v:161:ALA:N	2.48	0.47
1:1:511:C:H2'	1:1:512:A:C8	2.50	0.47
6:6:48:G:H2'	6:6:49:U:C5	2.50	0.47
6:6:84:U:H2'	6:6:85:U:H6	1.80	0.47
31:f:51:CYS:HB3	31:f:69:TRP:CZ3	2.50	0.47
35:m:249:THR:O	35:m:253:ARG:N	2.48	0.47
36:n:115:LEU:O	36:n:119:ILE:HG12	2.15	0.47
41:v:202:TYR:O	41:v:206:LYS:NZ	2.47	0.47
1:1:687:U:H2'	1:1:688:C:C6	2.50	0.47
1:1:3429:G:H21	8:B:309:GLY:HA2	1.79	0.47
3:3:34:VAL:HG22	3:3:50:TYR:OH	2.15	0.47
5:5:207:ILE:O	5:5:282:HIS:NE2	2.45	0.47
8:B:168:LYS:HB3	8:B:319:ASN:OD1	2.15	0.47
8:B:316:VAL:HG23	8:B:318:GLU:OE2	2.15	0.47
9:C:152:LEU:HD23	9:C:251:ILE:HG12	1.96	0.47
12:F:161:GLY:N	12:F:168:ILE:O	2.43	0.47
1:1:378:U:H4'	1:1:412:G:H5'	1.97	0.46
1:1:700:C:O2'	1:1:704:U:OP1	2.31	0.46
1:1:1309:A:O2'	1:1:1310:C:H6	1.98	0.46
2:2:136:U:H4'	36:n:15:ILE:HG13	1.97	0.46
4:4:78:ASP:OD1	4:4:78:ASP:N	2.48	0.46
8:B:51:ALA:HB3	8:B:78:VAL:HG13	1.96	0.46
24:V:106:ASN:N	24:V:110:GLU:O	2.47	0.46
1:1:270:U:OP1	10:D:200:ASN:N	2.49	0.46
1:1:3123:A:H1'	28:b:209:HIS:H	1.79	0.46
1:1:3434:G:H1'	1:1:3471:A:N6	2.30	0.46
2:2:47:G:H8	2:2:47:G:OP2	1.98	0.46
21:P:9:ALA:HB2	21:P:149:ILE:HD12	1.97	0.46
30:e:92:GLU:OE2	30:e:117:THR:HB	2.15	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
2:2:115:G:H4'	2:2:146:A:H5'	1.96	0.46
4:4:93:ARG:HH12	7:A:290:LEU:HG	1.80	0.46
8:B:116:ARG:HB3	8:B:175:LYS:HG2	1.96	0.46
13:G:55:TYR:O	13:G:59:GLN:HG3	2.15	0.46
26:X:62:ILE:HA	26:X:85:VAL:HA	1.96	0.46
27:Y:53:ASP:HB2	27:Y:69:ILE:HD12	1.98	0.46
37:o:105:GLY:O	37:o:153:PHE:N	2.44	0.46
42:x:81:ASP:OD2	42:x:213:ARG:NH1	2.48	0.46
1:1:672:A:H2'	1:1:673:C:O4'	2.14	0.46
1:1:2455:U:H2'	1:1:2456:G:C8	2.51	0.46
1:1:3180:C:H2'	1:1:3181:G:O4'	2.14	0.46
4:4:100:ILE:H	9:C:291:ARG:HG2	1.81	0.46
5:5:11:GLN:NE2	42:x:73:GLU:OE2	2.48	0.46
18:M:73:ILE:H	18:M:73:ILE:HG13	1.56	0.46
21:P:141:SER:OG	21:P:142:SER:N	2.47	0.46
22:Q:35:LEU:O	22:Q:39:THR:OG1	2.33	0.46
41:v:53:LEU:HB2	41:v:137:VAL:HG21	1.98	0.46
1:1:460:G:H4'	1:1:461:A:OP2	2.14	0.46
1:1:1299:G:H1'	1:1:1304:A:H61	1.80	0.46
1:1:3342:G:N2	1:1:3345:G:OP2	2.49	0.46
1:1:3496:U:H2'	1:1:3497:G:C8	2.50	0.46
5:5:148:LYS:HA	5:5:197:TRP:HA	1.98	0.46
5:5:252:SER:OG	5:5:253:THR:N	2.48	0.46
12:F:81:ASN:OD1	12:F:82:TYR:N	2.48	0.46
13:G:172:LYS:HE2	35:m:206:PHE:CE1	2.51	0.46
20:O:47:HIS:NE2	20:O:49:PHE:HB3	2.31	0.46
31:f:72:ILE:HD13	31:f:82:VAL:HG21	1.98	0.46
42:x:34:LYS:NZ	42:x:35:GLU:HB3	2.30	0.46
1:1:779:A:H2'	1:1:779:A:N3	2.30	0.46
1:1:1011:G:H2'	1:1:1012:A:H4'	1.97	0.46
1:1:3186:U:H2'	1:1:3187:A:C8	2.50	0.46
1:1:3344:A:OP2	8:B:100:ARG:NH2	2.35	0.46
1:1:3352:A:N3	1:1:3352:A:H2'	2.30	0.46
4:4:209:VAL:HG12	4:4:211:GLU:HG3	1.97	0.46
6:6:7:U:O2	16:K:149:MET:HA	2.16	0.46
11:E:77:GLU:CD	11:E:78:ASP:N	2.73	0.46
39:t:159:PHE:HA	39:t:168:ALA:HA	1.97	0.46
1:1:347:C:OP1	1:1:1414:G:O2'	2.33	0.46
1:1:723:C:O2'	1:1:724:A:H8	1.99	0.46
1:1:985:G:N1	1:1:1173:G:H2'	2.30	0.46
1:1:1338:G:O2'	1:1:1339:A:OP2	2.24	0.46

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
6:6:6:C:H1'	6:6:7:U:C2	2.51	0.46
12:F:90:LEU:HD23	12:F:91:ILE:N	2.30	0.46
16:K:72:TYR:N	16:K:191:PHE:O	2.46	0.46
35:m:246:ARG:HE	35:m:246:ARG:HB2	1.60	0.46
42:x:154:ASP:HB2	42:x:159:ASN:ND2	2.30	0.46
1:1:1259:A:H4'	25:W:127:ALA:HB3	1.97	0.46
1:1:1283:A:H5''	1:1:1284:U:C5	2.51	0.46
1:1:1439:U:H1'	30:e:51:LYS:O	2.15	0.46
1:1:3342:G:H8	8:B:154:TYR:CE2	2.34	0.46
6:6:9:C:H2'	6:6:10:U:H6	1.80	0.46
6:6:93:A:H4'	6:6:94:A:C2	2.50	0.46
18:M:39:ILE:HD13	18:M:51:ILE:N	2.29	0.46
36:n:23:LEU:HD23	36:n:33:PHE:HD2	1.81	0.46
36:n:189:TYR:N	36:n:200:TRP:O	2.44	0.46
1:1:1137:G:H2'	1:1:1138:U:C6	2.50	0.46
1:1:1205:G:H2'	1:1:1206:C:H6	1.81	0.46
1:1:3277:A:H2'	1:1:3278:A:C8	2.51	0.46
8:B:90:VAL:HG13	8:B:161:LEU:HD21	1.97	0.46
17:L:129:LYS:HD3	17:L:130:ALA:O	2.15	0.46
18:M:30:ASP:OD2	18:M:67:ARG:NE	2.38	0.46
21:P:52:LYS:HB3	21:P:53:GLU:OE1	2.16	0.46
36:n:258:ALA:HB1	36:n:261:ALA:HB3	1.98	0.46
1:1:248:G:H21	1:1:248:G:P	2.37	0.46
1:1:548:U:H2'	1:1:549:G:H8	1.81	0.46
1:1:984:A:H2'	1:1:985:G:O4'	2.16	0.46
1:1:1205:G:H21	20:O:88:MET:CE	2.28	0.46
5:5:92:ILE:HD12	5:5:104:LEU:HG	1.97	0.46
9:C:106:LYS:HD2	9:C:108:TRP:CH2	2.51	0.46
18:M:7:TYR:H	18:M:12:ARG:HH22	1.64	0.46
19:N:46:ASP:OD1	19:N:47:LYS:N	2.49	0.46
22:Q:23:VAL:O	22:Q:27:LEU:HD13	2.15	0.46
27:Y:1:MET:HG2	27:Y:2:LYS:H	1.80	0.46
32:h:72:TYR:CD1	32:h:75:LYS:HD2	2.51	0.46
36:n:85:LYS:O	36:n:89:ARG:HG2	2.16	0.46
38:r:180:LYS:HA	38:r:195:PRO:HA	1.98	0.46
1:1:7:C:H2'	1:1:8:C:H6	1.81	0.45
1:1:20:A:P	32:h:92:ARG:HH12	2.38	0.45
1:1:1283:A:H5''	1:1:1284:U:H5	1.81	0.45
1:1:1328:C:H2'	1:1:1329:C:C6	2.51	0.45
7:A:288:ASP:OD1	7:A:290:LEU:HB2	2.17	0.45
9:C:133:VAL:O	9:C:137:LEU:HD13	2.16	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
9:C:219:LYS:HA	9:C:222:ARG:HD3	1.98	0.45
13:G:156:ASP:O	13:G:183:LYS:NZ	2.49	0.45
21:P:13:LYS:HB3	21:P:152:GLU:HG3	1.98	0.45
21:P:82:ARG:HD2	21:P:83:TRP:N	2.28	0.45
21:P:92:TYR:CE1	21:P:96:LYS:HE3	2.50	0.45
28:b:210:PHE:O	28:b:217:TRP:N	2.48	0.45
41:v:179:PHE:HA	41:v:182:MET:HG2	1.98	0.45
1:1:459:A:N6	1:1:460:G:O6	2.50	0.45
1:1:461:A:H4'	1:1:462:U:OP1	2.16	0.45
1:1:548:U:H2'	1:1:549:G:C8	2.51	0.45
1:1:1420:U:OP2	9:C:143:ARG:NH2	2.49	0.45
1:1:3338:A:H2'	1:1:3339:A:H8	1.81	0.45
3:3:176:ASP:O	3:3:178:PRO:HD3	2.16	0.45
5:5:274:ARG:HD2	5:5:276:GLN:NE2	2.31	0.45
12:F:82:TYR:CE1	45:T:143:THR:HG21	2.51	0.45
13:G:158:ASP:HB2	13:G:159:PRO:HD3	1.96	0.45
20:O:4:PHE:CE2	31:f:34:GLU:HB2	2.51	0.45
35:m:230:HIS:CE1	35:m:231:GLU:HG2	2.51	0.45
36:n:25:LYS:HD2	36:n:25:LYS:HA	1.81	0.45
1:1:3244:C:H2'	1:1:3245:G:C8	2.52	0.45
2:2:163:A:H4'	13:G:185:ARG:NH2	2.31	0.45
8:B:152:LYS:HG2	8:B:189:ALA:HA	1.97	0.45
11:E:117:GLU:H	11:E:117:GLU:CD	2.19	0.45
12:F:160:PHE:HA	12:F:169:PRO:HA	1.97	0.45
13:G:215:VAL:O	13:G:218:VAL:N	2.49	0.45
13:G:219:ASP:HA	13:G:223:SER:HB3	1.98	0.45
16:K:53:VAL:HA	16:K:243:THR:HA	1.97	0.45
16:K:142:ALA:O	16:K:168:VAL:N	2.48	0.45
26:X:11:LYS:HD2	26:X:11:LYS:HA	1.66	0.45
31:f:51:CYS:SG	31:f:100:ARG:HD2	2.56	0.45
32:h:19:GLN:HA	32:h:22:GLU:OE1	2.17	0.45
33:i:80:ARG:O	33:i:84:LYS:HG2	2.16	0.45
36:n:7:LYS:HA	36:n:7:LYS:HD3	1.67	0.45
36:n:31:ALA:HA	36:n:34:ARG:HD3	1.99	0.45
36:n:79:GLN:OE1	36:n:82:ARG:NH1	2.50	0.45
1:1:491:C:H2'	1:1:492:U:C6	2.51	0.45
1:1:672:A:C2	1:1:673:C:H1'	2.51	0.45
1:1:1420:U:H5'	9:C:143:ARG:HH22	1.80	0.45
1:1:3244:C:H2'	1:1:3245:G:H8	1.81	0.45
5:5:168:LEU:O	5:5:172:ARG:NH2	2.50	0.45
7:A:277:GLN:O	7:A:281:GLN:N	2.50	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
17:L:78:GLU:OE1	33:i:18:ARG:NH2	2.49	0.45
18:M:115:ARG:O	18:M:119:GLN:HG2	2.17	0.45
35:m:300:TYR:O	35:m:317:TYR:N	2.44	0.45
42:x:238:ASP:N	42:x:238:ASP:OD1	2.49	0.45
1:1:1321:A:H2'	1:1:1322:A:C8	2.51	0.45
1:1:3100:C:O2'	8:B:99:LEU:O	2.31	0.45
1:1:3337:A:H2'	1:1:3338:A:C8	2.52	0.45
35:m:222:LYS:HD3	35:m:222:LYS:HA	1.81	0.45
1:1:180:U:H2'	1:1:181:A:C8	2.51	0.45
1:1:841:G:H2'	1:1:842:A:H8	1.82	0.45
8:B:26:ARG:NH1	8:B:178:LEU:O	2.50	0.45
9:C:169:ALA:O	9:C:173:GLU:HG2	2.16	0.45
13:G:117:ALA:O	35:m:243:ARG:NH1	2.48	0.45
22:Q:99:LYS:HG2	22:Q:119:GLY:HA2	1.97	0.45
23:S:105:MET:HE3	23:S:109:MET:HB2	1.99	0.45
36:n:17:ILE:HG13	36:n:21:GLN:HB2	1.98	0.45
42:x:34:LYS:HD2	42:x:34:LYS:C	2.41	0.45
1:1:960:C:H2'	1:1:961:A:C8	2.52	0.45
1:1:3180:C:O2'	1:1:3433:U:H5'	2.16	0.45
2:2:54:G:H2'	2:2:55:C:C6	2.52	0.45
7:A:129:LEU:HA	7:A:225:PHE:HA	1.97	0.45
8:B:94:GLU:HB3	20:O:153:ILE:HD12	1.99	0.45
30:e:72:LEU:HA	30:e:92:GLU:O	2.16	0.45
30:e:100:ARG:O	30:e:103:VAL:HG22	2.17	0.45
1:1:1147:G:H2'	1:1:1148:G:O4'	2.17	0.45
2:2:157:A:H2'	2:2:158:G:C8	2.51	0.45
13:G:53:PRO:O	13:G:57:ARG:NH1	2.49	0.45
13:G:183:LYS:HB2	13:G:195:ALA:O	2.17	0.45
21:P:157:VAL:HG13	42:x:246:ARG:HE	1.81	0.45
22:Q:122:VAL:C	22:Q:123:LEU:HD23	2.42	0.45
23:S:67:LYS:HB2	23:S:72:LYS:NZ	2.32	0.45
30:e:61:ARG:NH2	30:e:62:TYR:OH	2.50	0.45
30:e:112:LEU:HB2	30:e:114:VAL:HG23	1.99	0.45
32:h:45:LYS:HA	32:h:48:THR:HG22	1.98	0.45
1:1:63:A:OP1	19:N:172:ARG:NH2	2.49	0.45
1:1:280:G:H2'	1:1:281:A:C8	2.52	0.45
1:1:3425:C:O2'	29:d:106:MET:O	2.34	0.45
1:1:3476:A:O2'	1:1:3479:C:OP2	2.35	0.45
3:3:180:ASN:OD1	3:3:180:ASN:N	2.50	0.45
8:B:277:GLN:HA	8:B:277:GLN:OE1	2.17	0.45
9:C:168:VAL:HG22	9:C:177:TYR:CE1	2.52	0.45

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
22:Q:94:MET:O	22:Q:114:ARG:NH2	2.50	0.45
25:W:60:TRP:HA	25:W:105:THR:HA	1.99	0.45
26:X:5:LYS:HZ1	37:o:127:GLN:C	2.25	0.45
33:i:84:LYS:O	33:i:85:ILE:C	2.60	0.45
1:1:455:G:H2'	1:1:456:G:C8	2.52	0.45
1:1:538:U:O2	1:1:588:G:N2	2.46	0.45
1:1:997:A:O2'	1:1:998:U:OP1	2.31	0.45
8:B:26:ARG:HD2	8:B:179:MET:HE3	1.99	0.45
11:E:85:PRO:O	11:E:88:VAL:N	2.48	0.45
20:O:13:LYS:NZ	20:O:41:GLU:OE1	2.25	0.45
21:P:94:LEU:HB3	21:P:148:ILE:HD13	1.99	0.45
22:Q:50:ARG:HH22	22:Q:142:ARG:NE	2.14	0.45
42:x:79:LYS:NZ	42:x:80:ASP:OD1	2.48	0.45
1:1:530:A:C5	1:1:533:A:H4'	2.51	0.44
1:1:680:C:OP1	30:e:24:ARG:N	2.48	0.44
1:1:2983:U:O4'	1:1:3006:A:N6	2.51	0.44
12:F:95:ARG:NE	12:F:97:ARG:O	2.47	0.44
18:M:4:PHE:N	18:M:4:PHE:CD1	2.84	0.44
1:1:655:C:H2'	1:1:656:A:C8	2.53	0.44
1:1:3234:C:OP1	8:B:276:THR:HG23	2.17	0.44
1:1:3235:A:OP1	8:B:274:HIS:HB3	2.17	0.44
1:1:3287:A:C6	1:1:3288:G:H1'	2.52	0.44
2:2:99:C:H2'	2:2:100:A:C8	2.52	0.44
5:5:65:GLU:HG3	5:5:67:TRP:CD1	2.52	0.44
5:5:323:ASP:CG	5:5:323:ASP:O	2.60	0.44
1:1:382:A:H1'	1:1:384:G:H5'	1.98	0.44
2:2:139:C:H2'	2:2:140:A:C8	2.52	0.44
4:4:129:LEU:HD23	4:4:130:LEU:N	2.32	0.44
4:4:190:ILE:HG21	4:4:203:PRO:HD3	1.99	0.44
12:F:72:LEU:HD12	12:F:75:LYS:HD2	1.99	0.44
19:N:99:ARG:NE	19:N:118:SER:O	2.50	0.44
20:O:61:LYS:HB2	20:O:61:LYS:HE2	1.61	0.44
23:S:78:ILE:O	23:S:89:MET:N	2.42	0.44
23:S:80:TYR:CE2	23:S:113:HIS:CE1	3.06	0.44
34:j:28:HIS:CE1	34:j:30:GLN:HB2	2.52	0.44
41:v:173:LYS:HD2	41:v:173:LYS:HA	1.83	0.44
1:1:3418:U:H5''	1:1:3490:A:H2	1.82	0.44
2:2:139:C:H2'	2:2:140:A:H8	1.82	0.44
3:3:64:MET:HE3	3:3:64:MET:HB2	1.77	0.44
8:B:211:GLN:HE21	8:B:283:TYR:C	2.23	0.44
18:M:15:LEU:HB3	18:M:57:VAL:HG23	1.99	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
19:N:17:ASP:OD2	33:i:47:GLY:HA3	2.17	0.44
32:h:14:GLU:O	32:h:17:ALA:HB3	2.17	0.44
33:i:98:ALA:HB2	35:m:208:ASN:HD22	1.83	0.44
42:x:111:PHE:CE1	42:x:179:LEU:HD11	2.52	0.44
1:1:369:A:OP1	34:j:24:LYS:NZ	2.51	0.44
1:1:1148:G:H2'	1:1:1149:C:C6	2.53	0.44
1:1:1319:U:H2'	1:1:1320:G:C8	2.52	0.44
1:1:3281:A:N1	14:H:58:TRP:N	2.65	0.44
2:2:55:C:H2'	2:2:56:A:H5'	2.00	0.44
5:5:265:ILE:HD11	5:5:322:ALA:HA	2.00	0.44
6:6:45:G:C2'	6:6:46:G:H5'	2.47	0.44
8:B:92:TYR:OH	8:B:159:ARG:NH1	2.50	0.44
9:C:208:LEU:HD11	9:C:230:VAL:HG12	1.98	0.44
9:C:293:ILE:HG23	22:Q:34:PHE:CE2	2.52	0.44
12:F:193:HIS:O	12:F:197:THR:OG1	2.21	0.44
21:P:6:ALA:HB1	21:P:8:PRO:HD2	1.99	0.44
23:S:74:PHE:CD1	23:S:74:PHE:N	2.86	0.44
36:n:440:ALA:H	36:n:443:ALA:HB3	1.83	0.44
42:x:82:GLU:CD	42:x:169:GLY:HA2	2.43	0.44
1:1:68:A:OP2	1:1:309:G:N2	2.44	0.44
1:1:296:C:H2'	1:1:297:A:H8	1.83	0.44
1:1:763:G:H3'	1:1:764:U:H6	1.82	0.44
2:2:17:A:H2'	2:2:18:G:C8	2.52	0.44
2:2:44:G:OP1	32:h:85:LYS:NZ	2.51	0.44
12:F:150:THR:HG22	12:F:247:GLN:NE2	2.32	0.44
12:F:231:GLU:OE1	12:F:231:GLU:N	2.50	0.44
18:M:58:LEU:C	18:M:58:LEU:HD12	2.42	0.44
21:P:12:THR:O	21:P:13:LYS:HD2	2.18	0.44
22:Q:85:VAL:HG12	22:Q:125:LEU:HD11	1.98	0.44
23:S:11:ARG:HH12	23:S:14:PRO:HD3	1.82	0.44
23:S:49:LYS:O	23:S:51:LYS:NZ	2.51	0.44
24:V:60:VAL:O	24:V:78:ALA:N	2.50	0.44
1:1:1165:G:H2'	1:1:1166:A:C8	2.52	0.44
1:1:3145:A:H4'	8:B:364:LYS:HD2	1.99	0.44
1:1:3196:C:H4'	8:B:343:LEU:HD13	2.00	0.44
2:2:116:C:H2'	2:2:117:A:C8	2.53	0.44
2:2:120:U:H5'	2:2:121:U:OP2	2.18	0.44
4:4:117:ALA:HB1	4:4:137:TYR:HE2	1.83	0.44
8:B:162:ALA:O	8:B:178:LEU:HA	2.17	0.44
12:F:128:LYS:HG2	12:F:129:ALA:H	1.83	0.44
13:G:53:PRO:HG2	13:G:56:ILE:HG13	2.00	0.44

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
23:S:77:TRP:HB3	23:S:123:LEU:HD22	2.00	0.44
23:S:89:MET:SD	23:S:90:TYR:N	2.91	0.44
36:n:20:ASN:HA	36:n:23:LEU:HD12	1.98	0.44
1:1:120:G:O3'	35:m:228:SER:OG	2.29	0.44
1:1:1205:G:H21	20:O:88:MET:HE3	1.82	0.44
1:1:3191:U:H2'	1:1:3192:C:C6	2.53	0.44
1:1:3275:A:C4	20:O:115:LYS:HA	2.53	0.44
1:1:3333:G:H2'	1:1:3334:A:H8	1.83	0.44
3:3:99:TYR:CD2	12:F:16:PRO:HD3	2.52	0.44
5:5:155:TYR:HA	5:5:178:LYS:HA	2.00	0.44
6:6:55:G:H1'	6:6:87:A:H61	1.82	0.44
7:A:277:GLN:O	7:A:281:GLN:HG3	2.18	0.44
8:B:216:ASP:OD1	8:B:216:ASP:N	2.41	0.44
8:B:274:HIS:O	8:B:275:ARG:NH1	2.38	0.44
12:F:93:VAL:O	12:F:121:GLY:HA2	2.18	0.44
13:G:183:LYS:HD2	13:G:194:THR:HB	2.00	0.44
17:L:43:ALA:HA	17:L:46:ILE:HG12	1.99	0.44
18:M:36:ARG:HG3	18:M:52:ARG:HE	1.83	0.44
27:Y:2:LYS:HD3	27:Y:7:VAL:CG2	2.48	0.44
1:1:1339:A:H1'	1:1:1342:G:OP1	2.18	0.44
1:1:1426:G:OP1	30:e:99:ALA:N	2.47	0.44
1:1:1481:G:O2'	1:1:2443:G:O6	2.35	0.44
2:2:128:U:H5'	36:n:74:HIS:CE1	2.53	0.44
3:3:105:ILE:HG22	3:3:109:LYS:HE3	2.00	0.44
24:V:36:LEU:HA	24:V:65:LYS:H	1.83	0.44
1:1:1256:A:H2'	1:1:1257:G:O4'	2.18	0.43
1:1:3416:A:O2'	1:1:3417:A:OP1	2.29	0.43
2:2:140:A:H2'	2:2:141:A:C8	2.53	0.43
8:B:308:MET:SD	8:B:373:PRO:HD3	2.57	0.43
9:C:120:LYS:O	9:C:124:ILE:HD12	2.18	0.43
9:C:283:ILE:HD13	9:C:283:ILE:N	2.32	0.43
17:L:106:GLU:HB3	41:v:120:LEU:CD1	2.48	0.43
17:L:117:LYS:HD2	41:v:127:GLU:HB3	2.00	0.43
23:S:9:VAL:HA	23:S:24:PHE:O	2.18	0.43
1:1:433:C:H2'	1:1:434:A:C8	2.51	0.43
1:1:519:U:OP1	12:F:218:LEU:HD22	2.18	0.43
1:1:547:G:O2'	1:1:576:U:O4	2.22	0.43
1:1:995:G:H2'	1:1:996:G:C8	2.53	0.43
1:1:995:G:H2'	1:1:996:G:H8	1.83	0.43
1:1:1020:U:H2'	1:1:1021:A:C8	2.52	0.43
1:1:1091:G:H2'	1:1:1092:U:C6	2.54	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:2930:U:H3	1:1:2948:G:H1	1.64	0.43
1:1:2994:C:O2'	1:1:2996:G:OP2	2.31	0.43
1:1:3180:C:H1'	1:1:3433:U:H4'	1.99	0.43
1:1:3308:G:N7	23:S:170:HIS:NE2	2.65	0.43
1:1:3313:G:C6	1:1:3314:U:C4	3.07	0.43
2:2:129:U:H2'	2:2:130:G:C8	2.53	0.43
6:6:97:C:N3	6:6:98:G:N2	2.66	0.43
16:K:22:GLU:O	16:K:26:LYS:N	2.46	0.43
42:x:45:LEU:O	42:x:49:GLU:N	2.51	0.43
1:1:195:A:H5''	27:Y:45:ARG:HH22	1.83	0.43
1:1:320:C:H2'	1:1:321:A:C8	2.53	0.43
1:1:2445:A:H2'	1:1:2446:A:C8	2.53	0.43
1:1:3343:A:H4'	8:B:95:THR:HG22	2.00	0.43
2:2:45:A:OP1	32:h:91:ARG:NH2	2.52	0.43
4:4:173:TYR:CD2	4:4:177:VAL:HG23	2.52	0.43
5:5:3:LEU:HA	5:5:342:ILE:HG13	2.00	0.43
6:6:62:U:H3	6:6:81:A:N6	2.15	0.43
8:B:46:PHE:CE2	8:B:205:ILE:HD12	2.53	0.43
8:B:53:MET:HB2	8:B:53:MET:HE3	1.36	0.43
8:B:63:PRO:HA	8:B:68:HIS:CD2	2.53	0.43
12:F:31:GLU:HA	12:F:34:VAL:HG12	1.98	0.43
13:G:64:ILE:HA	13:G:67:LEU:HD12	2.00	0.43
13:G:95:ASN:OD1	13:G:98:ARG:NH1	2.51	0.43
14:H:133:SER:O	14:H:143:ILE:N	2.48	0.43
27:Y:114:ARG:O	27:Y:118:ILE:HG13	2.17	0.43
1:1:515:A:H1'	1:1:636:A:OP1	2.19	0.43
3:3:31:GLU:HG3	3:3:32:TYR:CD1	2.54	0.43
4:4:30:LEU:O	4:4:30:LEU:HD23	2.17	0.43
5:5:51:HIS:HB3	5:5:54:ASN:O	2.18	0.43
6:6:87:A:H2'	6:6:88:G:O4'	2.18	0.43
8:B:58:ARG:HG3	8:B:356:LEU:HA	2.01	0.43
13:G:70:LYS:HA	13:G:70:LYS:HD2	1.81	0.43
19:N:15:GLN:O	33:i:50:PRO:HD3	2.18	0.43
19:N:17:ASP:OD1	19:N:18:VAL:HG23	2.18	0.43
20:O:187:PRO:HB2	20:O:191:LYS:NZ	2.33	0.43
26:X:45:TYR:CD2	32:h:77:TYR:HB3	2.53	0.43
27:Y:38:LEU:HA	27:Y:41:GLN:HG2	2.01	0.43
41:v:136:GLU:HA	41:v:139:ARG:HB3	2.00	0.43
1:1:404:A:O2'	1:1:407:A:OP1	2.27	0.43
1:1:665:U:H3	1:1:674:A:N6	2.16	0.43
1:1:759:C:H4'	1:1:760:C:OP1	2.17	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:1320:G:H2'	1:1:1321:A:H8	1.84	0.43
3:3:90:LEU:HD22	3:3:109:LYS:HG2	1.99	0.43
9:C:177:TYR:O	9:C:181:ILE:HG12	2.18	0.43
12:F:135:GLN:HA	12:F:138:GLU:HB2	2.01	0.43
18:M:6:ARG:HH12	18:M:92:TRP:HZ3	1.67	0.43
20:O:126:ARG:HD2	20:O:136:TYR:CD2	2.53	0.43
25:W:54:LYS:O	25:W:58:ASP:N	2.49	0.43
42:x:114:GLU:CD	42:x:181:THR:HG1	2.24	0.43
1:1:72:C:H1'	17:L:61:PRO:O	2.19	0.43
1:1:144:U:H2'	1:1:145:G:C8	2.51	0.43
1:1:189:G:N1	1:1:243:C:H5	2.15	0.43
1:1:1325:A:H2'	1:1:1326:G:H8	1.81	0.43
1:1:2440:A:H2'	1:1:2441:G:H8	1.84	0.43
4:4:14:ASN:ND2	9:C:5:ARG:HD2	2.33	0.43
6:6:51:G:C2	6:6:52:A:C4	3.06	0.43
9:C:289:VAL:HG21	22:Q:27:LEU:O	2.16	0.43
12:F:167:ARG:HD2	12:F:210:TRP:CD1	2.54	0.43
22:Q:41:SER:OG	22:Q:134:THR:OG1	2.35	0.43
24:V:37:TYR:N	24:V:63:THR:O	2.48	0.43
25:W:121:GLN:O	25:W:212:PHE:N	2.43	0.43
1:1:296:C:H2'	1:1:297:A:C8	2.54	0.43
1:1:372:G:N7	34:j:56:ARG:NH2	2.66	0.43
1:1:445:G:H2'	1:1:447:C:OP2	2.18	0.43
1:1:3313:G:H5''	18:M:121:ARG:HH11	1.84	0.43
2:2:17:A:H2'	2:2:18:G:H8	1.84	0.43
4:4:100:ILE:HG23	9:C:291:ARG:HG3	2.00	0.43
12:F:145:ILE:O	12:F:145:ILE:HG13	2.18	0.43
12:F:221:TRP:CG	12:F:225:LYS:HD2	2.54	0.43
27:Y:51:ARG:HG3	27:Y:52:ASP:N	2.34	0.43
30:e:101:LYS:HE3	30:e:101:LYS:HB2	1.70	0.43
1:1:80:C:H2'	1:1:81:C:C6	2.54	0.43
1:1:377:A:OP1	42:x:10:ARG:NH2	2.51	0.43
1:1:461:A:H1'	1:1:462:U:H5''	2.00	0.43
1:1:481:A:H2'	1:1:482:C:O4'	2.18	0.43
1:1:484:A:H5'	5:5:244:ARG:HG3	2.01	0.43
1:1:711:G:OP2	17:L:36:ARG:HD3	2.19	0.43
1:1:3312:C:H2'	1:1:3313:G:C8	2.54	0.43
11:E:156:ASP:OD1	11:E:157:GLN:N	2.51	0.43
12:F:214:LEU:HD23	12:F:249:MET:HB2	2.00	0.43
12:F:218:LEU:HD12	12:F:219:GLY:N	2.33	0.43
18:M:18:LYS:HB3	18:M:55:SER:CB	2.47	0.43

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
36:n:38:ILE:HG23	36:n:39:LEU:HD12	2.01	0.43
1:1:277:G:C5'	19:N:14:LYS:HE2	2.46	0.43
1:1:1006:A:H61	1:1:1138:U:H3	1.66	0.43
3:3:168:ARG:NE	42:x:197:GLU:OE2	2.52	0.43
4:4:69:ALA:HB2	4:4:112:ARG:HB3	2.00	0.43
5:5:40:ASP:OD1	5:5:41:ARG:N	2.51	0.43
17:L:51:VAL:HG22	41:v:57:ALA:O	2.19	0.43
18:M:12:ARG:H	18:M:28:ILE:HG22	1.84	0.43
18:M:28:ILE:HG13	18:M:39:ILE:HG13	2.01	0.43
20:O:169:TYR:O	20:O:173:LEU:N	2.42	0.43
22:Q:57:ASN:O	22:Q:59:PRO:HD3	2.19	0.43
30:e:123:VAL:O	30:e:124:ARG:C	2.61	0.43
34:j:53:ALA:HB1	34:j:57:ARG:HH12	1.83	0.43
42:x:237:ARG:HG3	42:x:304:PHE:CZ	2.54	0.43
1:1:666:C:H2'	1:1:667:U:H5'	2.01	0.43
1:1:2477:C:H2'	1:1:2478:A:H8	1.84	0.43
5:5:195:ARG:H	5:5:195:ARG:HG2	1.50	0.43
13:G:91:PHE:O	13:G:95:ASN:ND2	2.52	0.43
17:L:104:ARG:O	33:i:17:LYS:HD2	2.18	0.43
19:N:165:THR:OG1	19:N:166:SER:N	2.46	0.43
23:S:6:TYR:HE2	23:S:33:GLU:HA	1.84	0.43
28:b:211:ASP:HA	28:b:216:ARG:HA	2.00	0.43
36:n:26:LEU:HB3	36:n:28:LEU:HD13	2.01	0.43
42:x:43:LYS:HE2	42:x:46:ARG:HH12	1.84	0.43
42:x:46:ARG:HB3	42:x:46:ARG:HH11	1.83	0.43
1:1:626:C:H4'	1:1:627:G:OP1	2.19	0.42
1:1:1234:A:H4'	1:1:1235:A:O5'	2.19	0.42
1:1:1324:U:H2'	1:1:1325:A:C8	2.54	0.42
1:1:3223:A:H2'	1:1:3224:G:O4'	2.18	0.42
1:1:3398:U:H2'	1:1:3399:C:C6	2.54	0.42
8:B:86:VAL:HG23	8:B:161:LEU:O	2.19	0.42
13:G:171:LYS:HD2	13:G:171:LYS:HA	1.88	0.42
21:P:154:GLU:O	42:x:187:ASN:ND2	2.52	0.42
32:h:72:TYR:HD1	32:h:75:LYS:HD2	1.84	0.42
33:i:78:LEU:HA	33:i:78:LEU:HD23	1.92	0.42
33:i:87:GLU:O	33:i:90:SER:OG	2.37	0.42
36:n:126:PHE:O	36:n:130:LEU:N	2.44	0.42
37:o:170:LEU:HA	37:o:175:LEU:HA	2.01	0.42
1:1:27:C:H3'	1:1:28:G:H21	1.85	0.42
1:1:445:G:H1	1:1:647:A:H61	1.67	0.42
1:1:675:C:H2'	1:1:676:G:H8	1.85	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
3:3:127:LEU:HD12	3:3:127:LEU:HA	1.85	0.42
5:5:96:LYS:NZ	5:5:133:VAL:O	2.37	0.42
5:5:162:LYS:HZ3	5:5:219:GLU:H	1.67	0.42
5:5:310:ILE:HD13	5:5:320:PHE:CD2	2.54	0.42
7:A:277:GLN:HA	7:A:280:ALA:HB3	2.01	0.42
12:F:94:VAL:HA	12:F:120:ASN:O	2.19	0.42
17:L:110:GLN:CG	41:v:123:VAL:HG11	2.48	0.42
18:M:31:ILE:HG21	23:S:149:PHE:HZ	1.84	0.42
19:N:62:TYR:CE2	19:N:110:CYS:SG	3.12	0.42
20:O:4:PHE:CE1	31:f:13:LYS:HE2	2.54	0.42
31:f:50:VAL:HG12	31:f:101:VAL:HA	2.00	0.42
41:v:24:LYS:C	41:v:26:ALA:H	2.27	0.42
41:v:174:TYR:CD1	41:v:182:MET:HE1	2.54	0.42
1:1:1235:A:H61	1:1:1331:G:H1'	1.85	0.42
1:1:1472:U:H2'	1:1:1473:U:C6	2.54	0.42
1:1:3102:A:H2'	1:1:3103:U:O4'	2.19	0.42
2:2:83:G:H2'	2:2:84:C:C6	2.55	0.42
4:4:119:ARG:O	4:4:123:THR:HG23	2.19	0.42
5:5:49:LEU:HD11	5:5:97:TYR:CB	2.48	0.42
5:5:127:HIS:HB3	5:5:150:ASN:HD21	1.84	0.42
5:5:285:LYS:HB2	5:5:285:LYS:HE2	1.84	0.42
8:B:171:LEU:HD23	8:B:171:LEU:HA	1.74	0.42
9:C:288:ASP:OD1	9:C:288:ASP:C	2.62	0.42
12:F:84:VAL:HG23	45:T:138:ALA:HA	2.00	0.42
31:f:55:LYS:HB2	31:f:55:LYS:HE3	1.85	0.42
36:n:248:LYS:O	36:n:264:GLU:N	2.52	0.42
1:1:117:U:OP2	19:N:2:GLY:N	2.53	0.42
1:1:220:A:H2'	1:1:221:G:O4'	2.20	0.42
1:1:453:U:H1'	1:1:501:G:H1	1.85	0.42
1:1:488:A:H2'	1:1:489:C:C5	2.54	0.42
1:1:1313:G:H2'	1:1:1314:C:C6	2.54	0.42
1:1:3085:G:H5'	8:B:19:ARG:O	2.19	0.42
1:1:3146:U:O2'	40:u:16:GLY:O	2.36	0.42
4:4:56:ASP:OD1	4:4:56:ASP:N	2.52	0.42
5:5:43:LYS:NZ	5:5:61:ASN:HD21	2.18	0.42
8:B:24:ARG:HG2	8:B:26:ARG:H	1.84	0.42
14:H:29:THR:HA	14:H:34:THR:HA	2.00	0.42
22:Q:117:LYS:HD2	22:Q:117:LYS:HA	1.78	0.42
25:W:173:VAL:N	25:W:180:THR:O	2.50	0.42
42:x:114:GLU:OE2	42:x:182:ALA:N	2.44	0.42
1:1:22:G:H5''	34:j:43:LYS:HD2	2.02	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:698:U:H5''	9:C:33:ARG:HH22	1.84	0.42
1:1:1318:A:H2'	1:1:1319:U:C6	2.55	0.42
1:1:1424:A:H4'	1:1:1425:C:H5''	2.02	0.42
1:1:3086:A:O2'	1:1:3087:U:H5''	2.19	0.42
1:1:3178:C:H2'	1:1:3179:G:C8	2.48	0.42
2:2:60:A:N3	2:2:60:A:H2'	2.35	0.42
9:C:260:LEU:HA	9:C:260:LEU:HD23	1.83	0.42
11:E:145:PRO:C	11:E:147:ASN:H	2.28	0.42
18:M:70:ARG:O	18:M:74:VAL:HG23	2.19	0.42
20:O:111:PRO:HG2	20:O:112:PRO:HD3	2.00	0.42
26:X:113:ILE:HA	26:X:119:LYS:HA	2.02	0.42
42:x:131:ILE:HD12	42:x:131:ILE:HA	1.85	0.42
1:1:3429:G:H2'	1:1:3430:U:O4'	2.19	0.42
5:5:4:LEU:HD12	5:5:5:LEU:H	1.85	0.42
8:B:90:VAL:HG12	8:B:104:THR:HG23	2.02	0.42
10:D:113:THR:O	10:D:117:LYS:N	2.51	0.42
11:E:135:LYS:HA	11:E:135:LYS:HD3	1.82	0.42
19:N:36:ILE:HG12	19:N:64:ILE:HD12	2.02	0.42
22:Q:81:THR:HG22	22:Q:101:SER:OG	2.20	0.42
27:Y:56:THR:HG22	27:Y:66:GLU:HG2	2.00	0.42
36:n:242:GLY:O	36:n:268:SER:N	2.49	0.42
38:r:182:ASN:HA	38:r:193:GLN:HA	2.02	0.42
42:x:42:LYS:HA	42:x:45:LEU:CD2	2.50	0.42
1:1:442:U:H2'	1:1:443:C:C6	2.54	0.42
8:B:43:LEU:O	8:B:340:LYS:NZ	2.38	0.42
9:C:235:LEU:HD22	9:C:240:LEU:HD21	2.02	0.42
12:F:24:LYS:NZ	12:F:28:GLN:OE1	2.53	0.42
20:O:79:ARG:HD3	20:O:82:GLN:HG2	2.02	0.42
23:S:72:LYS:CB	23:S:74:PHE:HE1	2.33	0.42
31:f:33:ILE:HD11	31:f:82:VAL:HG22	2.02	0.42
36:n:403:ILE:HA	36:n:419:ILE:H	1.85	0.42
41:v:184:LYS:HE2	41:v:184:LYS:HB3	1.91	0.42
42:x:279:LYS:HB3	42:x:288:GLU:OE2	2.20	0.42
43:y:7:PHE:O	43:y:9:ASN:N	2.52	0.42
1:1:232:C:OP1	27:Y:46:SER:OG	2.37	0.42
1:1:581:A:H2'	18:M:66:PRO:HG3	2.02	0.42
1:1:984:A:OP2	1:1:1174:A:N6	2.52	0.42
1:1:1262:A:N6	1:1:1307:U:OP2	2.53	0.42
1:1:1300:U:H1'	1:1:1303:C:C5	2.54	0.42
1:1:1395:A:H2'	1:1:1396:G:C8	2.54	0.42
1:1:3100:C:OP2	8:B:28:LYS:NZ	2.41	0.42

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:3121:C:H2'	1:1:3122:G:O4'	2.20	0.42
1:1:3343:A:C8	20:O:111:PRO:HD3	2.55	0.42
2:2:56:A:N6	2:2:62:A:H61	2.17	0.42
5:5:120:LYS:HD3	5:5:168:LEU:HD11	2.01	0.42
6:6:6:C:C4	6:6:48:G:H4'	2.55	0.42
6:6:54:C:H2'	6:6:55:G:C8	2.55	0.42
8:B:84:MET:HE1	8:B:163:HIS:N	2.35	0.42
9:C:13:LYS:HB2	9:C:161:PHE:HZ	1.85	0.42
21:P:107:LEU:H	21:P:109:MET:HE1	1.83	0.42
21:P:160:ALA:HA	42:x:228:ARG:HH12	1.84	0.42
42:x:99:THR:OG1	42:x:100:THR:N	2.53	0.42
42:x:200:ILE:HG12	42:x:233:ILE:HB	2.02	0.42
1:1:168:C:OP2	41:v:194:ASN:ND2	2.52	0.42
1:1:1251:U:H5''	1:1:1317:A:H61	1.85	0.42
1:1:1396:G:H2'	1:1:1397:A:C8	2.55	0.42
2:2:128:U:H2'	2:2:129:U:C6	2.55	0.42
4:4:53:TRP:HE3	4:4:54:MET:HG3	1.84	0.42
6:6:9:C:C2	6:6:46:G:C2	3.07	0.42
9:C:314:HIS:NE2	12:F:169:PRO:HG3	2.35	0.42
13:G:206:GLU:OE1	16:K:122:ALA:HB1	2.19	0.42
23:S:73:VAL:HG12	23:S:94:ARG:HB2	2.02	0.42
32:h:84:GLN:H	32:h:84:GLN:HG2	1.66	0.42
34:j:58:THR:HG23	34:j:59:THR:O	2.20	0.42
1:1:167:G:H5'	35:m:222:LYS:HG2	2.02	0.42
1:1:187:U:H2'	1:1:188:C:C6	2.55	0.42
1:1:363:A:H2'	1:1:364:G:O4'	2.20	0.42
1:1:674:A:HO2'	1:1:675:C:P	2.43	0.42
1:1:1188:G:H2'	1:1:1189:A:O4'	2.20	0.42
1:1:3085:G:O2'	1:1:3086:A:P	2.78	0.42
4:4:169:LEU:HD12	4:4:169:LEU:HA	1.83	0.42
6:6:47:U:N3	16:K:67:ARG:O	2.53	0.42
6:6:57:A:H8	6:6:57:A:OP2	2.03	0.42
6:6:88:G:H3'	6:6:89:U:H5''	2.02	0.42
8:B:24:ARG:HD3	8:B:26:ARG:NH2	2.35	0.42
23:S:59:ALA:O	23:S:60:ILE:HD13	2.20	0.42
42:x:95:LYS:N	42:x:146:THR:OG1	2.53	0.42
1:1:262:A:H2'	1:1:263:A:H8	1.85	0.41
1:1:3229:C:H2'	1:1:3230:G:H8	1.84	0.41
3:3:56:ASP:HB3	3:3:61:TYR:CD2	2.55	0.41
5:5:104:LEU:HD12	5:5:104:LEU:HA	1.80	0.41
11:E:110:ASP:OD1	11:E:110:ASP:C	2.63	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
11:E:189:ARG:HA	11:E:190:PRO:HD3	1.94	0.41
12:F:147:ASN:OD1	12:F:150:THR:HG23	2.20	0.41
16:K:86:GLU:O	16:K:139:ILE:N	2.38	0.41
23:S:105:MET:CE	23:S:109:MET:HB2	2.50	0.41
27:Y:70:THR:HG22	27:Y:82:GLU:HG3	2.02	0.41
31:f:71:THR:OG1	31:f:72:ILE:N	2.51	0.41
31:f:89:ASN:OD1	31:f:89:ASN:N	2.53	0.41
39:t:89:LEU:HA	39:t:124:ARG:HA	2.02	0.41
41:v:49:ASN:O	41:v:53:LEU:HG	2.20	0.41
42:x:59:ARG:HE	42:x:304:PHE:HD2	1.66	0.41
1:l:138:U:H3	32:h:70:GLU:CD	2.28	0.41
1:l:155:U:OP2	19:N:49:ARG:NH2	2.46	0.41
1:l:1134:A:H2'	1:l:1135:G:H4'	2.02	0.41
2:2:53:C:H2'	2:2:54:G:C8	2.55	0.41
2:2:87:A:H2'	2:2:88:A:H4'	2.02	0.41
8:B:282:ILE:HD12	8:B:322:VAL:HB	2.01	0.41
9:C:236:ASN:HD21	9:C:238:LEU:HB2	1.83	0.41
11:E:140:PHE:CE2	42:x:143:ARG:HD2	2.56	0.41
11:E:192:LEU:HD23	11:E:192:LEU:HA	1.88	0.41
12:F:77:ARG:HG3	12:F:78:ALA:N	2.34	0.41
12:F:91:ILE:HG13	12:F:143:TYR:HB2	2.01	0.41
13:G:178:ALA:HB2	13:G:218:VAL:HG13	2.01	0.41
18:M:38:LEU:C	18:M:39:ILE:HD12	2.45	0.41
27:Y:42:TYR:O	27:Y:123:GLY:HA3	2.20	0.41
36:n:12:ALA:O	36:n:16:TYR:HB2	2.19	0.41
36:n:50:LYS:HD2	36:n:50:LYS:C	2.45	0.41
42:x:153:GLU:HA	42:x:158:THR:HA	2.02	0.41
1:l:574:U:H2'	1:l:575:G:C8	2.55	0.41
1:l:3115:U:H3'	1:l:3116:U:C6	2.55	0.41
6:6:92:G:O2'	6:6:93:A:O5'	2.38	0.41
7:A:288:ASP:O	7:A:290:LEU:N	2.49	0.41
8:B:49:TYR:CE2	8:B:169:THR:HG21	2.56	0.41
8:B:275:ARG:HA	8:B:275:ARG:HD3	1.86	0.41
11:E:83:THR:HB	11:E:93:ILE:HA	2.01	0.41
18:M:37:ALA:HB3	18:M:39:ILE:HD11	2.01	0.41
21:P:9:ALA:HA	21:P:14:CYS:CB	2.50	0.41
23:S:7:GLN:N	23:S:63:ILE:HD11	2.35	0.41
23:S:114:ARG:HG2	23:S:116:ARG:NH1	2.35	0.41
42:x:164:VAL:HG12	42:x:171:SER:HB2	2.01	0.41
1:l:159:U:OP2	32:h:105:LYS:HE3	2.19	0.41
1:l:1089:A:H8	1:l:1089:A:OP2	2.04	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:1:1150:C:H2'	1:1:1151:A:H8	1.84	0.41
1:1:1261:G:O3'	25:W:50:ASN:N	2.53	0.41
1:1:1277:G:H2'	1:1:1278:U:H6	1.85	0.41
1:1:3422:G:H2'	1:1:3423:A:C8	2.55	0.41
2:2:46:U:C3'	2:2:47:G:H5'	2.51	0.41
2:2:99:C:O2'	27:Y:24:SER:HB2	2.21	0.41
2:2:153:U:H2'	2:2:154:U:C6	2.56	0.41
4:4:183:TYR:HE2	4:4:209:VAL:H	1.67	0.41
9:C:42:THR:O	9:C:46:LYS:HE3	2.21	0.41
11:E:146:LYS:HE2	11:E:146:LYS:HB2	1.95	0.41
12:F:26:GLN:O	12:F:30:ARG:NH1	2.54	0.41
20:O:149:LYS:HG3	20:O:150:TYR:CE1	2.54	0.41
21:P:30:ARG:HA	21:P:119:VAL:HG11	2.02	0.41
23:S:123:LEU:HG	45:T:152:HIS:ND1	2.36	0.41
33:i:54:ARG:CZ	33:i:58:LEU:HD21	2.50	0.41
39:t:162:ILE:N	39:t:165:GLN:O	2.52	0.41
40:u:35:LYS:O	40:u:39:ASN:N	2.49	0.41
42:x:39:ASP:HB3	42:x:42:LYS:HD2	2.02	0.41
1:1:75:U:H5''	17:L:58:VAL:HB	2.02	0.41
1:1:191:U:H3	1:1:241:G:H1	1.67	0.41
1:1:764:U:H3'	1:1:765:G:H8	1.84	0.41
1:1:1021:A:H2'	1:1:1022:U:C6	2.56	0.41
1:1:3123:A:H2'	1:1:3124:G:O4'	2.20	0.41
2:2:95:G:H1	27:Y:112:LYS:NZ	2.18	0.41
4:4:214:LYS:HE2	4:4:214:LYS:HB3	1.90	0.41
5:5:321:ASP:OD1	5:5:321:ASP:N	2.52	0.41
11:E:156:ASP:OD1	11:E:156:ASP:C	2.63	0.41
12:F:221:TRP:CD1	12:F:225:LYS:HD2	2.55	0.41
21:P:67:VAL:HB	21:P:80:GLN:HB3	2.02	0.41
30:e:125:SER:N	42:x:154:ASP:OD2	2.51	0.41
33:i:33:LYS:NZ	35:m:215:LEU:O	2.54	0.41
35:m:259:GLU:OE1	35:m:259:GLU:N	2.54	0.41
41:v:165:ALA:HA	41:v:168:GLN:HB3	2.03	0.41
1:1:146:U:H2'	1:1:147:C:C6	2.55	0.41
1:1:276:A:O2'	19:N:14:LYS:NZ	2.36	0.41
1:1:434:A:H4'	30:e:47:ILE:HG22	2.03	0.41
1:1:591:G:H4'	1:1:592:U:H2'	2.03	0.41
1:1:3229:C:H2'	1:1:3230:G:C8	2.55	0.41
1:1:3284:G:H2'	1:1:3285:G:C8	2.56	0.41
3:3:45:LEU:HB3	9:C:135:SER:OG	2.21	0.41
6:6:87:A:H3'	6:6:88:G:H8	1.85	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
8:B:283:TYR:HB3	8:B:356:LEU:HD21	2.03	0.41
8:B:384:LYS:HB2	8:B:384:LYS:HE3	1.84	0.41
12:F:238:ARG:NH2	12:F:241:HIS:HB3	2.35	0.41
13:G:211:LEU:HA	13:G:214:ILE:CG2	2.50	0.41
15:J:153:ALA:O	15:J:157:LEU:N	2.46	0.41
19:N:121:VAL:HG11	19:N:131:GLU:HG3	2.02	0.41
20:O:12:ALA:HB1	20:O:42:LEU:CD1	2.49	0.41
23:S:148:LYS:HE3	23:S:148:LYS:HB2	1.79	0.41
25:W:174:LEU:HA	25:W:179:VAL:HA	2.02	0.41
34:j:59:THR:O	41:v:5:ARG:HD2	2.19	0.41
42:x:82:GLU:H	42:x:82:GLU:HG2	1.64	0.41
1:1:96:G:H2'	1:1:97:U:C6	2.56	0.41
1:1:447:C:H3'	1:1:447:C:O2	2.21	0.41
1:1:541:G:H2'	1:1:542:G:H8	1.86	0.41
1:1:1139:U:H2'	1:1:1140:U:C6	2.55	0.41
1:1:1284:U:O2	1:1:1294:A:H5'	2.20	0.41
1:1:1338:G:C2	20:O:61:LYS:HD3	2.56	0.41
1:1:3096:G:H2'	1:1:3097:U:C6	2.55	0.41
1:1:3274:U:O4	1:1:3308:G:N2	2.54	0.41
2:2:140:A:H2'	2:2:141:A:H8	1.85	0.41
4:4:155:ASN:OD1	4:4:155:ASN:N	2.54	0.41
6:6:62:U:H5'	37:o:210:GLN:O	2.20	0.41
8:B:140:SER:O	8:B:143:SER:OG	2.39	0.41
9:C:143:ARG:HH11	9:C:143:ARG:HG2	1.84	0.41
9:C:341:VAL:HG23	9:C:343:ILE:HG23	2.03	0.41
11:E:85:PRO:HD2	11:E:89:ASN:ND2	2.36	0.41
13:G:84:LYS:H	26:X:15:LYS:HZ1	1.68	0.41
18:M:36:ARG:HG3	18:M:52:ARG:NE	2.36	0.41
25:W:125:ALA:HB2	25:W:210:ALA:HB2	2.02	0.41
30:e:126:GLN:HB2	42:x:173:TYR:OH	2.21	0.41
42:x:96:LEU:HD13	42:x:96:LEU:HA	1.94	0.41
1:1:8:C:H2'	1:1:9:U:C6	2.55	0.41
1:1:233:C:C2	1:1:234:G:H1'	2.56	0.41
1:1:444:A:C6	1:1:445:G:C6	3.08	0.41
1:1:469:U:H2'	1:1:470:C:C6	2.56	0.41
1:1:1270:C:H2'	1:1:1271:A:O4'	2.20	0.41
3:3:143:ARG:HD2	3:3:147:ARG:NH2	2.36	0.41
3:3:170:LYS:HE2	3:3:170:LYS:HB3	1.88	0.41
8:B:47:LEU:HD23	8:B:47:LEU:HA	1.86	0.41
8:B:218:ILE:HG12	8:B:337:THR:HB	2.02	0.41
20:O:57:ALA:HA	20:O:60:ARG:HD3	2.03	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
23:S:26:MET:HE1	45:T:153:PRO:HD3	2.01	0.41
42:x:83:PHE:HB2	42:x:213:ARG:NH1	2.36	0.41
42:x:86:TYR:CD1	42:x:86:TYR:N	2.88	0.41
1:1:107:A:P	17:L:39:ARG:HH21	2.43	0.41
1:1:587:U:H2'	1:1:588:G:C8	2.52	0.41
1:1:703:G:H5''	7:A:276:ARG:HH12	1.84	0.41
1:1:989:C:H2'	1:1:990:C:O4'	2.21	0.41
1:1:1008:U:H3'	1:1:1009:C:O2	2.20	0.41
1:1:1021:A:H2'	1:1:1022:U:H6	1.86	0.41
1:1:1177:C:H5''	30:e:44:ARG:HB2	2.03	0.41
1:1:1214:U:H2'	1:1:1215:A:H5'	2.03	0.41
1:1:1216:C:H2'	1:1:1217:G:C8	2.55	0.41
1:1:3110:U:H2'	1:1:3111:C:C6	2.56	0.41
1:1:3213:C:H2'	1:1:3214:C:O4'	2.21	0.41
4:4:102:ARG:HE	4:4:105:LYS:HZ1	1.68	0.41
5:5:18:LYS:HD2	5:5:19:LYS:O	2.21	0.41
6:6:3:A:H2'	6:6:4:A:O4'	2.21	0.41
6:6:184:C:H4'	6:6:185:U:H5''	2.03	0.41
8:B:183:VAL:HG23	8:B:191:LYS:HD3	2.02	0.41
9:C:22:LEU:HD12	9:C:22:LEU:HA	1.90	0.41
10:D:165:ILE:O	10:D:241:VAL:N	2.49	0.41
10:D:195:VAL:N	10:D:216:VAL:O	2.51	0.41
12:F:96:ILE:HG23	12:F:225:LYS:HE3	2.02	0.41
13:G:142:LEU:HD23	13:G:142:LEU:HA	1.90	0.41
13:G:146:LYS:NZ	13:G:173:MET:O	2.47	0.41
17:L:102:ARG:HE	33:i:23:ARG:NH2	2.18	0.41
20:O:66:ASN:O	20:O:68:SER:N	2.54	0.41
22:Q:83:VAL:CG2	22:Q:128:LEU:HD11	2.51	0.41
23:S:67:LYS:HB2	23:S:72:LYS:HZ3	1.84	0.41
34:j:28:HIS:ND1	34:j:31:LYS:HG3	2.36	0.41
34:j:33:THR:HA	34:j:39:TYR:O	2.21	0.41
1:1:19:U:O2'	19:N:112:ASN:HB3	2.20	0.41
1:1:187:U:H2'	1:1:188:C:H6	1.86	0.41
1:1:547:G:H1'	1:1:548:U:H5	1.86	0.41
1:1:673:C:H3'	1:1:674:A:C8	2.56	0.41
1:1:2994:C:H4'	1:1:2998:A:H61	1.86	0.41
1:1:3404:G:O2'	1:1:3406:A:N6	2.50	0.41
2:2:78:G:N2	2:2:95:G:N3	2.69	0.41
2:2:138:C:OP2	36:n:14:ARG:NH1	2.54	0.41
5:5:218:ASP:HB3	5:5:221:LEU:CD1	2.51	0.41
9:C:331:ASN:OD1	9:C:331:ASN:C	2.63	0.41

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
39:t:136:VAL:O	39:t:140:VAL:N	2.53	0.41
1:1:455:G:H2'	1:1:456:G:H8	1.84	0.40
1:1:541:G:H2'	1:1:542:G:C8	2.56	0.40
1:1:673:C:C2'	1:1:674:A:H5'	2.51	0.40
1:1:964:U:H1'	1:1:966:G:H5''	2.02	0.40
1:1:1427:A:N3	1:1:1453:A:O2'	2.52	0.40
1:1:3187:A:H2'	1:1:3190:A:N7	2.36	0.40
2:2:53:C:H2'	2:2:54:G:H8	1.86	0.40
4:4:141:TRP:C	4:4:142:MET:HE2	2.46	0.40
6:6:43:G:C2	6:6:44:A:C4	3.09	0.40
7:A:247:THR:O	7:A:248:PHE:C	2.64	0.40
16:K:52:PRO:O	16:K:244:SER:N	2.53	0.40
19:N:172:ARG:HG3	19:N:174:ILE:HG12	2.03	0.40
23:S:74:PHE:CE2	23:S:98:ARG:HA	2.55	0.40
1:1:429:G:N3	1:1:429:G:H3'	2.37	0.40
1:1:432:G:H21	30:e:21:ARG:NH2	2.18	0.40
1:1:712:U:H5	17:L:36:ARG:NH1	2.19	0.40
1:1:718:A:H61	9:C:50:GLN:NE2	2.19	0.40
1:1:1337:G:H1	20:O:63:CYS:HG	1.67	0.40
1:1:2455:U:H2'	1:1:2456:G:H8	1.86	0.40
3:3:30:ASN:HD22	3:3:44:PRO:CG	2.23	0.40
3:3:129:HIS:HD1	42:x:132:GLU:CD	2.29	0.40
8:B:198:HIS:HA	8:B:201:LYS:NZ	2.35	0.40
11:E:89:ASN:OD1	11:E:179:ALA:HA	2.22	0.40
12:F:115:LEU:C	12:F:116:LEU:HD22	2.46	0.40
12:F:130:ILE:HD13	12:F:130:ILE:HA	1.90	0.40
12:F:228:HIS:HB3	12:F:231:GLU:OE1	2.21	0.40
23:S:29:PHE:CE2	23:S:102:VAL:HG11	2.56	0.40
23:S:48:ASN:N	23:S:48:ASN:OD1	2.52	0.40
23:S:146:HIS:HD1	23:S:146:HIS:C	2.28	0.40
36:n:54:ASN:HB2	36:n:63:PHE:CZ	2.56	0.40
45:T:152:HIS:HA	45:T:153:PRO:HD3	1.90	0.40
1:1:105:G:H5'	41:v:63:THR:HG21	2.02	0.40
1:1:264:G:C6	1:1:265:C:N4	2.90	0.40
1:1:519:U:H3	1:1:607:G:H1	1.70	0.40
1:1:984:A:C2	1:1:1145:U:H4'	2.56	0.40
1:1:1321:A:H2'	1:1:1322:A:H8	1.85	0.40
1:1:1346:U:H3	20:O:50:ARG:HH12	1.67	0.40
1:1:3183:A:H3'	1:1:3184:G:C8	2.55	0.40
3:3:144:GLU:CD	42:x:273:ARG:HH11	2.28	0.40
4:4:102:ARG:HE	4:4:105:LYS:NZ	2.20	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
7:A:193:ILE:HA	7:A:198:ILE:HA	2.03	0.40
18:M:43:CYS:HB3	18:M:45:GLU:CD	2.45	0.40
20:O:110:PRO:HG2	20:O:113:PHE:HD2	1.86	0.40
24:V:105:VAL:HA	24:V:111:MET:HA	2.04	0.40
35:m:241:ALA:HB2	35:m:246:ARG:HH21	1.86	0.40
42:x:43:LYS:NZ	42:x:46:ARG:HH22	2.19	0.40
42:x:168:ASN:ND2	42:x:168:ASN:C	2.70	0.40
42:x:181:THR:HG23	42:x:184:GLU:H	1.86	0.40
43:y:5:ALA:O	43:y:208:LEU:N	2.54	0.40
1:1:29:C:O3'	19:N:172:ARG:NH1	2.54	0.40
1:1:154:G:OP2	19:N:4:TYR:OH	2.23	0.40
1:1:353:G:O2'	2:2:33:G:N2	2.48	0.40
1:1:353:G:HO2'	2:2:33:G:H21	1.69	0.40
1:1:1141:C:O2'	1:1:1142:U:H5'	2.22	0.40
1:1:1313:G:H2'	1:1:1314:C:H6	1.85	0.40
1:1:3133:U:H5''	8:B:348:ARG:HD3	2.04	0.40
3:3:156:LYS:O	3:3:159:LYS:N	2.54	0.40
5:5:139:ILE:HA	5:5:140:PRO:HD3	1.96	0.40
5:5:255:PRO:O	5:5:273:LYS:HG2	2.21	0.40
6:6:56:A:H2'	6:6:57:A:C8	2.57	0.40
17:L:21:TYR:HB3	19:N:194:THR:HG22	2.02	0.40
17:L:55:ARG:H	41:v:60:ASN:HD21	1.68	0.40
21:P:18:ARG:HA	21:P:147:GLU:HA	2.02	0.40
21:P:159:LYS:HB2	21:P:159:LYS:HE3	1.66	0.40
23:S:6:TYR:HE2	23:S:33:GLU:CA	2.34	0.40
29:d:18:THR:HA	29:d:77:ARG:HA	2.03	0.40
30:e:29:TRP:CE2	30:e:50:PRO:HD2	2.57	0.40
31:f:33:ILE:HD11	31:f:82:VAL:CG2	2.52	0.40
35:m:230:HIS:ND1	35:m:230:HIS:C	2.79	0.40
2:2:114:C:H4'	2:2:115:G:H5''	2.03	0.40
2:2:131:G:O2'	2:2:132:G:OP1	2.33	0.40
2:2:134:U:H5'	2:2:137:A:N6	2.36	0.40
6:6:10:U:H2'	6:6:11:C:C6	2.57	0.40
6:6:81:A:H2'	6:6:82:A:C8	2.56	0.40
8:B:55:HIS:NE2	8:B:360:ASP:OD2	2.54	0.40
8:B:120:LYS:HD3	8:B:120:LYS:HA	1.90	0.40
12:F:207:ASN:OD1	12:F:207:ASN:O	2.39	0.40
18:M:35:LYS:HB3	18:M:52:ARG:HH21	1.86	0.40
21:P:50:ASN:O	21:P:55:LYS:N	2.48	0.40
21:P:100:ALA:HA	21:P:103:GLU:HG2	2.03	0.40
41:v:123:VAL:HG13	41:v:124:LEU:HD12	2.03	0.40

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
43:y:161:VAL:N	43:y:182:VAL:O	2.39	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	
3	3	188/302 (62%)	177 (94%)	11 (6%)	0	100	100
4	4	207/217 (95%)	198 (96%)	9 (4%)	0	100	100
5	5	336/387 (87%)	301 (90%)	35 (10%)	0	100	100
7	A	250/295 (85%)	237 (95%)	12 (5%)	1 (0%)	30	62
8	B	328/388 (84%)	314 (96%)	14 (4%)	0	100	100
9	C	324/363 (89%)	302 (93%)	22 (7%)	0	100	100
10	D	385/578 (67%)	364 (94%)	21 (6%)	0	100	100
11	E	168/195 (86%)	144 (86%)	23 (14%)	1 (1%)	22	54
12	F	237/250 (95%)	217 (92%)	19 (8%)	1 (0%)	30	62
13	G	184/259 (71%)	175 (95%)	9 (5%)	0	100	100
14	H	181/190 (95%)	175 (97%)	6 (3%)	0	100	100
15	J	111/333 (33%)	106 (96%)	5 (4%)	0	100	100
16	K	236/373 (63%)	228 (97%)	8 (3%)	0	100	100
17	L	113/208 (54%)	106 (94%)	7 (6%)	0	100	100
18	M	123/134 (92%)	115 (94%)	8 (6%)	0	100	100
19	N	160/201 (80%)	154 (96%)	6 (4%)	0	100	100
20	O	194/197 (98%)	186 (96%)	8 (4%)	0	100	100
21	P	143/187 (76%)	134 (94%)	9 (6%)	0	100	100
22	Q	134/187 (72%)	121 (90%)	12 (9%)	1 (1%)	19	51

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
23	S	163/176 (93%)	149 (91%)	14 (9%)	0	100	100
24	V	125/139 (90%)	120 (96%)	5 (4%)	0	100	100
25	W	155/241 (64%)	147 (95%)	8 (5%)	0	100	100
26	X	114/141 (81%)	104 (91%)	10 (9%)	0	100	100
27	Y	123/126 (98%)	120 (98%)	3 (2%)	0	100	100
28	b	383/642 (60%)	374 (98%)	9 (2%)	0	100	100
29	d	93/113 (82%)	91 (98%)	2 (2%)	0	100	100
30	e	121/127 (95%)	111 (92%)	10 (8%)	0	100	100
31	f	104/108 (96%)	93 (89%)	11 (11%)	0	100	100
32	h	118/122 (97%)	110 (93%)	8 (7%)	0	100	100
33	i	83/99 (84%)	81 (98%)	2 (2%)	0	100	100
34	j	69/91 (76%)	64 (93%)	5 (7%)	0	100	100
35	m	115/740 (16%)	107 (93%)	8 (7%)	0	100	100
36	n	365/607 (60%)	353 (97%)	12 (3%)	0	100	100
37	o	132/276 (48%)	132 (100%)	0	0	100	100
38	r	158/260 (61%)	153 (97%)	5 (3%)	0	100	100
39	t	223/249 (90%)	215 (96%)	8 (4%)	0	100	100
40	u	106/192 (55%)	104 (98%)	2 (2%)	0	100	100
41	v	157/209 (75%)	141 (90%)	16 (10%)	0	100	100
42	x	301/306 (98%)	289 (96%)	12 (4%)	0	100	100
43	y	223/244 (91%)	219 (98%)	4 (2%)	0	100	100
44	z	33/117 (28%)	32 (97%)	1 (3%)	0	100	100
45	T	21/160 (13%)	18 (86%)	3 (14%)	0	100	100
All	All	7487/10729 (70%)	7081 (95%)	402 (5%)	4 (0%)	50	78

All (4) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
7	A	118	ASN
11	E	136	ASP
22	Q	76	SER
12	F	222	ARG

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	
3	3	167/271 (62%)	166 (99%)	1 (1%)	84	90
4	4	190/197 (96%)	187 (98%)	3 (2%)	58	74
5	5	301/345 (87%)	299 (99%)	2 (1%)	81	88
7	A	47/266 (18%)	47 (100%)	0	100	100
8	B	282/326 (86%)	279 (99%)	3 (1%)	70	80
9	C	276/297 (93%)	275 (100%)	1 (0%)	89	93
11	E	139/155 (90%)	138 (99%)	1 (1%)	81	88
12	F	201/210 (96%)	200 (100%)	1 (0%)	86	92
13	G	155/212 (73%)	154 (99%)	1 (1%)	84	90
17	L	97/167 (58%)	97 (100%)	0	100	100
18	M	108/113 (96%)	106 (98%)	2 (2%)	52	70
19	N	146/176 (83%)	146 (100%)	0	100	100
20	O	161/162 (99%)	160 (99%)	1 (1%)	84	90
21	P	120/149 (80%)	120 (100%)	0	100	100
22	Q	116/159 (73%)	115 (99%)	1 (1%)	75	84
23	S	149/154 (97%)	148 (99%)	1 (1%)	81	88
26	X	41/122 (34%)	41 (100%)	0	100	100
27	Y	110/111 (99%)	110 (100%)	0	100	100
30	e	105/107 (98%)	104 (99%)	1 (1%)	73	82
31	f	89/91 (98%)	89 (100%)	0	100	100
32	h	106/107 (99%)	106 (100%)	0	100	100
33	i	74/84 (88%)	74 (100%)	0	100	100
34	j	58/71 (82%)	57 (98%)	1 (2%)	56	73
35	m	67/659 (10%)	64 (96%)	3 (4%)	23	50
36	n	102/532 (19%)	101 (99%)	1 (1%)	73	82
37	o	1/246 (0%)	1 (100%)	0	100	100

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
41	v	138/181 (76%)	138 (100%)	0	100	100
42	x	271/273 (99%)	266 (98%)	5 (2%)	54	71
45	T	20/139 (14%)	20 (100%)	0	100	100
All	All	3837/6082 (63%)	3808 (99%)	29 (1%)	77	85

All (29) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
3	3	189	VAL
4	4	56	ASP
4	4	104	ASP
4	4	129	LEU
5	5	218	ASP
5	5	265	ILE
8	B	269	ASN
8	B	292	LYS
8	B	319	ASN
9	C	118	ASN
11	E	44	ARG
12	F	239	ASP
13	G	207	ASP
18	M	51	ILE
18	M	52	ARG
20	O	179	ILE
22	Q	102	ILE
23	S	143	LEU
30	e	103	VAL
34	j	29	ILE
35	m	230	HIS
35	m	249	THR
35	m	255	GLU
36	n	118	ILE
42	x	45	LEU
42	x	133	VAL
42	x	168	ASN
42	x	178	ASN
42	x	238	ASP

Sometimes sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (50) such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
3	3	30	ASN
3	3	187	ASN
4	4	14	ASN
4	4	67	ASN
4	4	195	ASN
5	5	54	ASN
5	5	61	ASN
5	5	68	ASN
5	5	71	GLN
5	5	125	GLN
5	5	230	HIS
5	5	316	ASN
8	B	145	ASN
8	B	277	GLN
9	C	50	GLN
11	E	173	ASN
12	F	201	ASN
12	F	204	GLN
12	F	243	ASN
13	G	131	ASN
13	G	137	ASN
18	M	34	HIS
18	M	104	GLN
19	N	57	GLN
19	N	193	ASN
20	O	5	GLN
20	O	32	GLN
20	O	102	HIS
21	P	64	ASN
21	P	80	GLN
22	Q	137	ASN
23	S	113	HIS
30	e	85	HIS
31	f	25	HIS
31	f	43	GLN
31	f	107	ASN
33	i	30	HIS
34	j	48	ASN
34	j	76	ASN
35	m	232	GLN
36	n	70	GLN
41	v	10	GLN
41	v	39	ASN

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
41	v	164	HIS
42	x	50	ASN
42	x	165	HIS
42	x	187	ASN
42	x	202	ASN
42	x	234	HIS
42	x	264	GLN

5.3.3 RNA ⓘ

Mol	Chain	Analysed	Backbone Outliers	Pucker Outliers
1	1	1551/3497 (44%)	408 (26%)	25 (1%)
2	2	150/165 (90%)	35 (23%)	1 (0%)
6	6	77/300 (25%)	37 (48%)	0
All	All	1778/3962 (44%)	480 (26%)	26 (1%)

All (480) RNA backbone outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	1	14	U
1	1	15	C
1	1	20	A
1	1	26	A
1	1	32	U
1	1	59	G
1	1	60	A
1	1	62	A
1	1	65	A
1	1	66	A
1	1	67	A
1	1	69	U
1	1	72	C
1	1	73	C
1	1	74	A
1	1	109	A
1	1	110	G
1	1	111	C
1	1	117	U
1	1	118	U
1	1	122	A
1	1	153	U

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	161	C
1	1	162	A
1	1	163	A
1	1	176	A
1	1	177	G
1	1	179	G
1	1	185	G
1	1	192	C
1	1	193	U
1	1	194	A
1	1	197	U
1	1	198	U
1	1	199	C
1	1	207	C
1	1	211	A
1	1	217	G
1	1	218	A
1	1	220	A
1	1	225	G
1	1	226	A
1	1	227	G
1	1	231	C
1	1	234	G
1	1	239	U
1	1	240	G
1	1	241	G
1	1	244	G
1	1	246	U
1	1	258	U
1	1	261	A
1	1	266	G
1	1	268	U
1	1	269	U
1	1	271	C
1	1	276	A
1	1	277	G
1	1	284	U
1	1	297	A
1	1	306	U
1	1	323	C
1	1	331	A
1	1	337	U

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	338	G
1	1	345	G
1	1	346	A
1	1	347	C
1	1	360	A
1	1	380	A
1	1	383	A
1	1	384	G
1	1	395	A
1	1	399	A
1	1	403	A
1	1	406	U
1	1	407	A
1	1	410	A
1	1	411	C
1	1	425	A
1	1	429	G
1	1	430	A
1	1	437	G
1	1	438	G
1	1	446	U
1	1	447	C
1	1	448	U
1	1	449	U
1	1	461	A
1	1	462	U
1	1	465	G
1	1	466	U
1	1	479	A
1	1	488	A
1	1	489	C
1	1	494	A
1	1	497	C
1	1	499	G
1	1	505	G
1	1	506	G
1	1	510	G
1	1	514	C
1	1	522	G
1	1	527	C
1	1	529	G
1	1	532	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	534	A
1	1	540	A
1	1	544	A
1	1	546	G
1	1	547	G
1	1	548	U
1	1	551	C
1	1	577	U
1	1	578	U
1	1	579	A
1	1	580	U
1	1	581	A
1	1	582	G
1	1	591	G
1	1	592	U
1	1	593	A
1	1	599	U
1	1	602	A
1	1	603	C
1	1	605	G
1	1	606	G
1	1	613	A
1	1	618	U
1	1	619	G
1	1	621	G
1	1	624	U
1	1	625	U
1	1	626	C
1	1	627	G
1	1	632	A
1	1	634	G
1	1	635	G
1	1	636	A
1	1	640	U
1	1	642	A
1	1	645	U
1	1	646	A
1	1	647	A
1	1	652	U
1	1	659	G
1	1	661	C
1	1	662	C

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	663	C
1	1	666	C
1	1	673	C
1	1	674	A
1	1	675	C
1	1	685	A
1	1	698	U
1	1	702	A
1	1	706	U
1	1	708	U
1	1	714	A
1	1	716	G
1	1	717	A
1	1	719	A
1	1	756	C
1	1	759	C
1	1	760	C
1	1	761	U
1	1	762	U
1	1	763	G
1	1	770	G
1	1	777	C
1	1	778	G
1	1	779	A
1	1	816	A
1	1	817	G
1	1	829	U
1	1	831	G
1	1	840	A
1	1	961	A
1	1	964	U
1	1	965	A
1	1	966	G
1	1	967	U
1	1	968	A
1	1	969	G
1	1	970	C
1	1	976	C
1	1	987	U
1	1	988	U
1	1	996	G
1	1	997	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	998	U
1	1	1009	C
1	1	1010	A
1	1	1012	A
1	1	1014	C
1	1	1016	G
1	1	1023	G
1	1	1133	G
1	1	1135	G
1	1	1139	U
1	1	1141	C
1	1	1142	U
1	1	1143	A
1	1	1146	G
1	1	1147	G
1	1	1150	C
1	1	1158	G
1	1	1160	A
1	1	1162	G
1	1	1163	C
1	1	1164	A
1	1	1170	G
1	1	1172	C
1	1	1173	G
1	1	1174	A
1	1	1176	G
1	1	1182	U
1	1	1185	A
1	1	1186	C
1	1	1190	A
1	1	1197	G
1	1	1199	U
1	1	1211	A
1	1	1212	U
1	1	1218	C
1	1	1219	U
1	1	1220	C
1	1	1222	U
1	1	1223	C
1	1	1224	A
1	1	1232	G
1	1	1235	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	1244	G
1	1	1248	A
1	1	1249	U
1	1	1252	A
1	1	1253	G
1	1	1254	A
1	1	1258	C
1	1	1259	A
1	1	1273	G
1	1	1275	A
1	1	1276	A
1	1	1277	G
1	1	1282	A
1	1	1283	A
1	1	1284	U
1	1	1285	C
1	1	1286	C
1	1	1289	U
1	1	1291	A
1	1	1292	G
1	1	1293	G
1	1	1294	A
1	1	1296	U
1	1	1297	G
1	1	1303	C
1	1	1308	C
1	1	1309	A
1	1	1310	C
1	1	1315	C
1	1	1316	G
1	1	1317	A
1	1	1318	A
1	1	1334	A
1	1	1336	U
1	1	1337	G
1	1	1338	G
1	1	1339	A
1	1	1340	U
1	1	1347	U
1	1	1348	A
1	1	1357	A
1	1	1362	U

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	1379	U
1	1	1380	A
1	1	1381	G
1	1	1383	U
1	1	1384	U
1	1	1386	G
1	1	1388	G
1	1	1389	A
1	1	1390	A
1	1	1416	G
1	1	1420	U
1	1	1425	C
1	1	1426	G
1	1	1433	U
1	1	1451	G
1	1	1452	A
1	1	1453	A
1	1	1463	G
1	1	1465	G
1	1	1471	C
1	1	1480	A
1	1	1481	G
1	1	1484	G
1	1	2452	G
1	1	2454	C
1	1	2471	C
1	1	2473	A
1	1	2474	A
1	1	2480	C
1	1	2933	A
1	1	2952	C
1	1	2953	U
1	1	2982	A
1	1	2984	C
1	1	2989	C
1	1	2993	G
1	1	2994	C
1	1	2995	A
1	1	3084	U
1	1	3085	G
1	1	3086	A
1	1	3093	G

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	3099	G
1	1	3102	A
1	1	3108	A
1	1	3113	A
1	1	3116	U
1	1	3117	A
1	1	3118	G
1	1	3119	U
1	1	3125	A
1	1	3128	A
1	1	3142	A
1	1	3144	C
1	1	3151	A
1	1	3152	U
1	1	3153	U
1	1	3155	G
1	1	3183	A
1	1	3188	U
1	1	3189	C
1	1	3195	C
1	1	3196	C
1	1	3197	G
1	1	3205	G
1	1	3209	A
1	1	3218	A
1	1	3225	A
1	1	3226	A
1	1	3227	U
1	1	3238	A
1	1	3239	A
1	1	3240	G
1	1	3270	U
1	1	3272	U
1	1	3273	A
1	1	3275	A
1	1	3276	A
1	1	3282	G
1	1	3300	A
1	1	3307	U
1	1	3308	G
1	1	3315	A
1	1	3317	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	3318	A
1	1	3319	G
1	1	3320	A
1	1	3324	G
1	1	3329	G
1	1	3335	U
1	1	3336	G
1	1	3337	A
1	1	3338	A
1	1	3343	A
1	1	3344	A
1	1	3345	G
1	1	3347	G
1	1	3351	U
1	1	3352	A
1	1	3353	U
1	1	3355	G
1	1	3356	A
1	1	3357	C
1	1	3358	U
1	1	3359	U
1	1	3365	U
1	1	3369	A
1	1	3370	U
1	1	3372	C
1	1	3373	C
1	1	3375	U
1	1	3396	A
1	1	3405	C
1	1	3414	U
1	1	3417	A
1	1	3418	U
1	1	3419	G
1	1	3420	U
1	1	3421	G
1	1	3431	A
1	1	3433	U
1	1	3435	U
1	1	3436	A
1	1	3469	U
1	1	3470	G
1	1	3471	A

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	3476	A
1	1	3478	G
1	1	3479	C
1	1	3483	U
1	1	3489	C
1	1	3490	A
1	1	3491	A
1	1	3496	U
2	2	23	G
2	2	27	C
2	2	29	C
2	2	42	U
2	2	43	C
2	2	47	G
2	2	55	C
2	2	57	G
2	2	61	A
2	2	67	A
2	2	70	C
2	2	71	G
2	2	79	A
2	2	83	G
2	2	87	A
2	2	88	A
2	2	89	U
2	2	98	U
2	2	103	G
2	2	108	U
2	2	112	A
2	2	114	C
2	2	115	G
2	2	117	A
2	2	119	A
2	2	120	U
2	2	124	G
2	2	132	G
2	2	133	U
2	2	134	U
2	2	136	U
2	2	156	G
2	2	159	U
2	2	160	G

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
2	2	162	C
6	6	5	U
6	6	6	C
6	6	8	U
6	6	9	C
6	6	12	A
6	6	43	G
6	6	45	G
6	6	46	G
6	6	47	U
6	6	48	G
6	6	49	U
6	6	50	U
6	6	51	G
6	6	57	A
6	6	60	U
6	6	84	U
6	6	87	A
6	6	89	U
6	6	90	U
6	6	91	U
6	6	93	A
6	6	94	A
6	6	96	U
6	6	97	C
6	6	99	A
6	6	101	U
6	6	102	G
6	6	105	G
6	6	106	A
6	6	108	A
6	6	178	U
6	6	181	C
6	6	182	C
6	6	184	C
6	6	186	U
6	6	187	U
6	6	188	G

All (26) RNA pucker outliers are listed below:

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Res	Type
1	1	116	A
1	1	270	U
1	1	382	A
1	1	460	G
1	1	487	C
1	1	496	C
1	1	626	C
1	1	661	C
1	1	674	A
1	1	759	C
1	1	760	C
1	1	761	U
1	1	997	A
1	1	1159	U
1	1	1234	A
1	1	1272	U
1	1	1333	A
1	1	1338	G
1	1	1385	U
1	1	2952	C
1	1	3217	U
1	1	3318	A
1	1	3328	U
1	1	3337	A
1	1	3416	A
2	2	131	G

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](#)

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

There are no bond length outliers.

There are no bond angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no torsion outliers.

There are no ring outliers.

No monomer is involved in short contacts.

5.7 Other polymers

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues

There are no chain breaks in this entry.

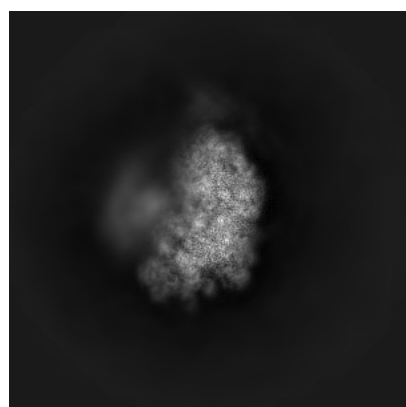
6 Map visualisation [i](#)

This section contains visualisations of the EMDB entry EMD-24395. These allow visual inspection of the internal detail of the map and identification of artifacts.

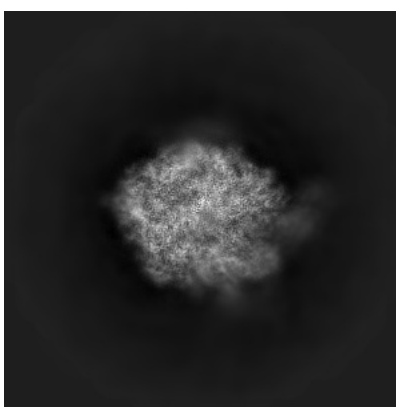
No raw map or half-maps were deposited for this entry and therefore no images, graphs, etc. pertaining to the raw map can be shown.

6.1 Orthogonal projections [i](#)

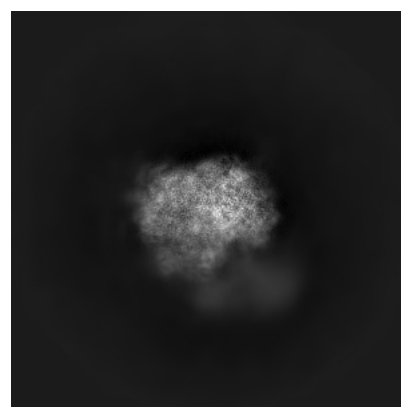
6.1.1 Primary map



X



Y

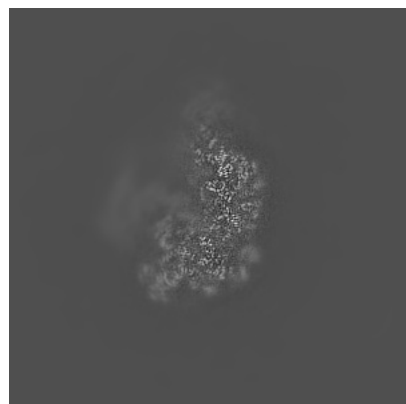


Z

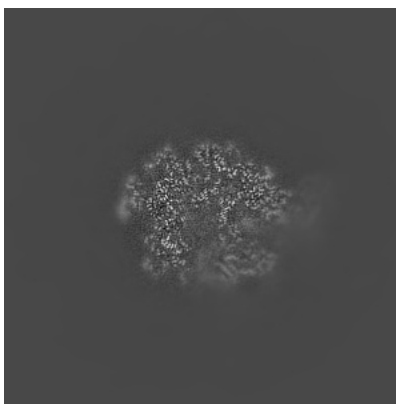
The images above show the map projected in three orthogonal directions.

6.2 Central slices [i](#)

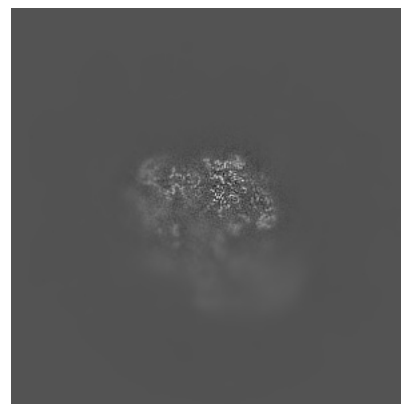
6.2.1 Primary map



X Index: 256



Y Index: 256

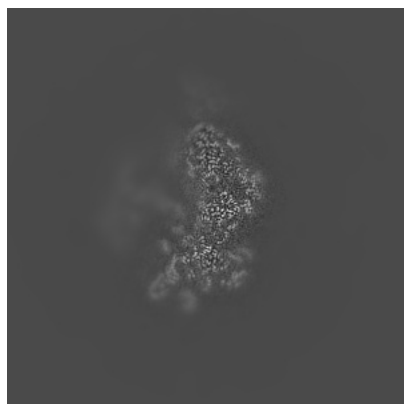


Z Index: 256

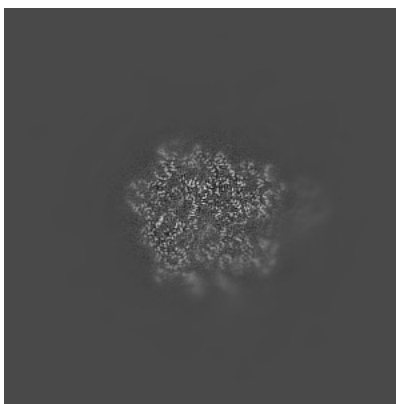
The images above show central slices of the map in three orthogonal directions.

6.3 Largest variance slices [i](#)

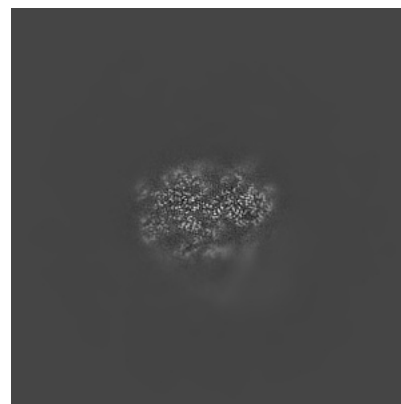
6.3.1 Primary map



X Index: 267



Y Index: 272

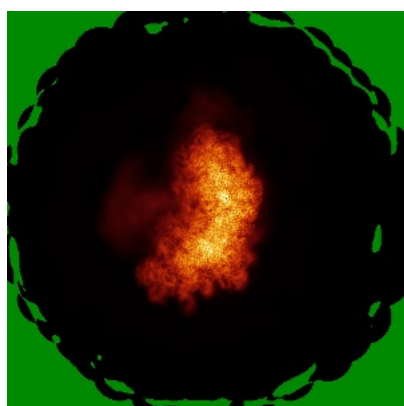


Z Index: 208

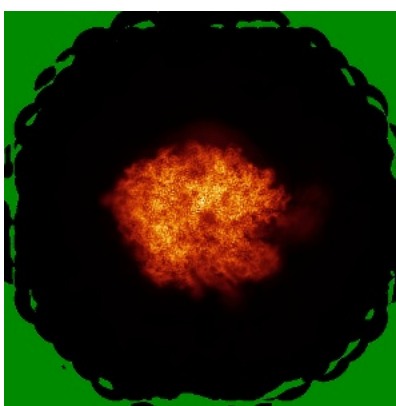
The images above show the largest variance slices of the map in three orthogonal directions.

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

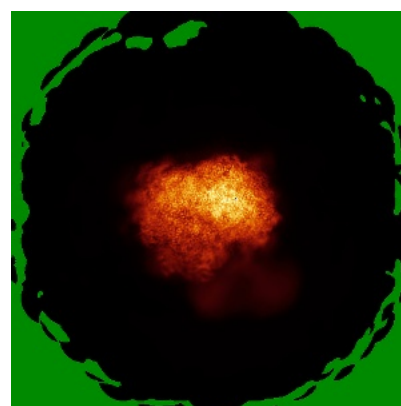
6.4.1 Primary map



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

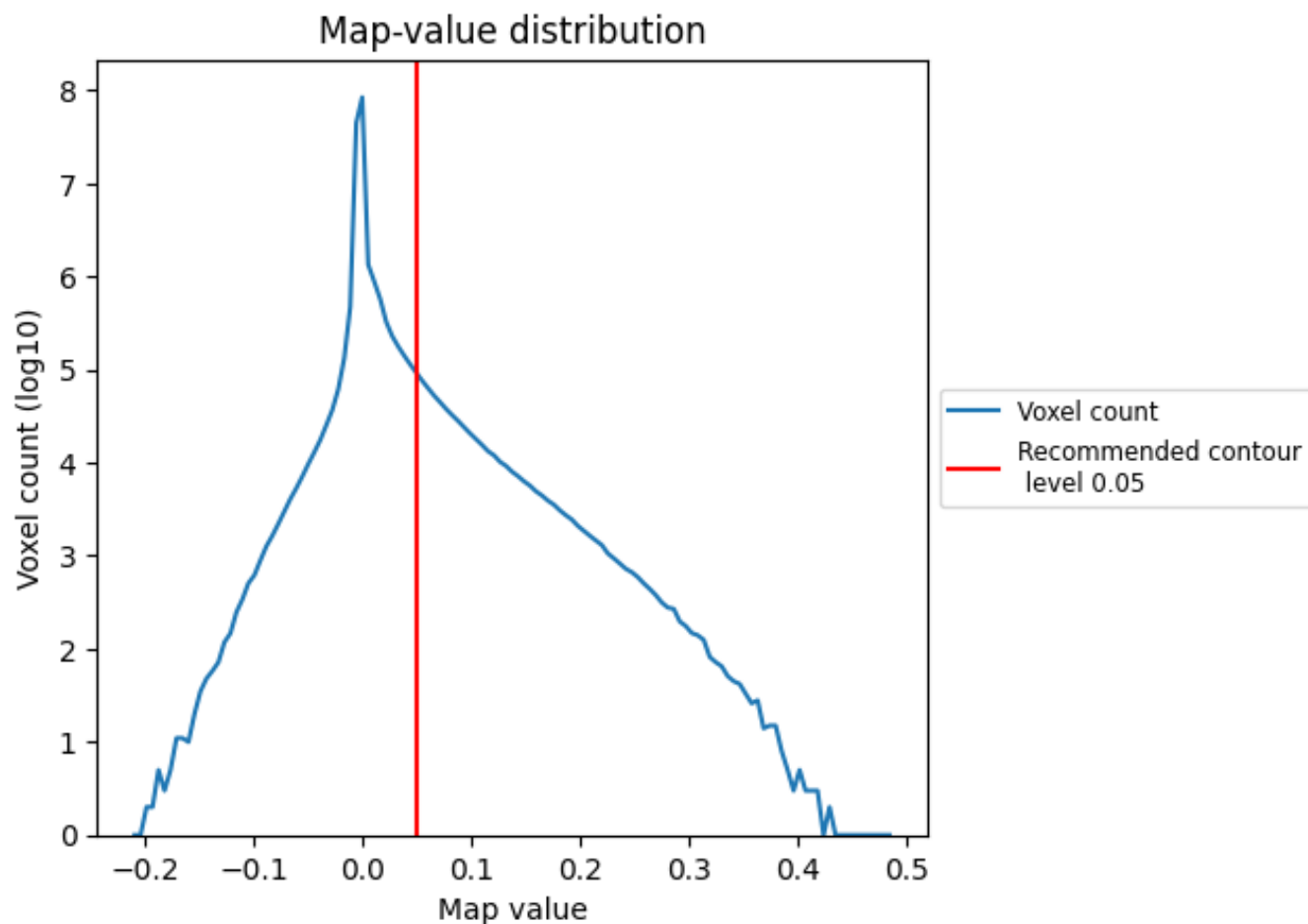
6.6 Mask visualisation [i](#)

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

7 Map analysis [i](#)

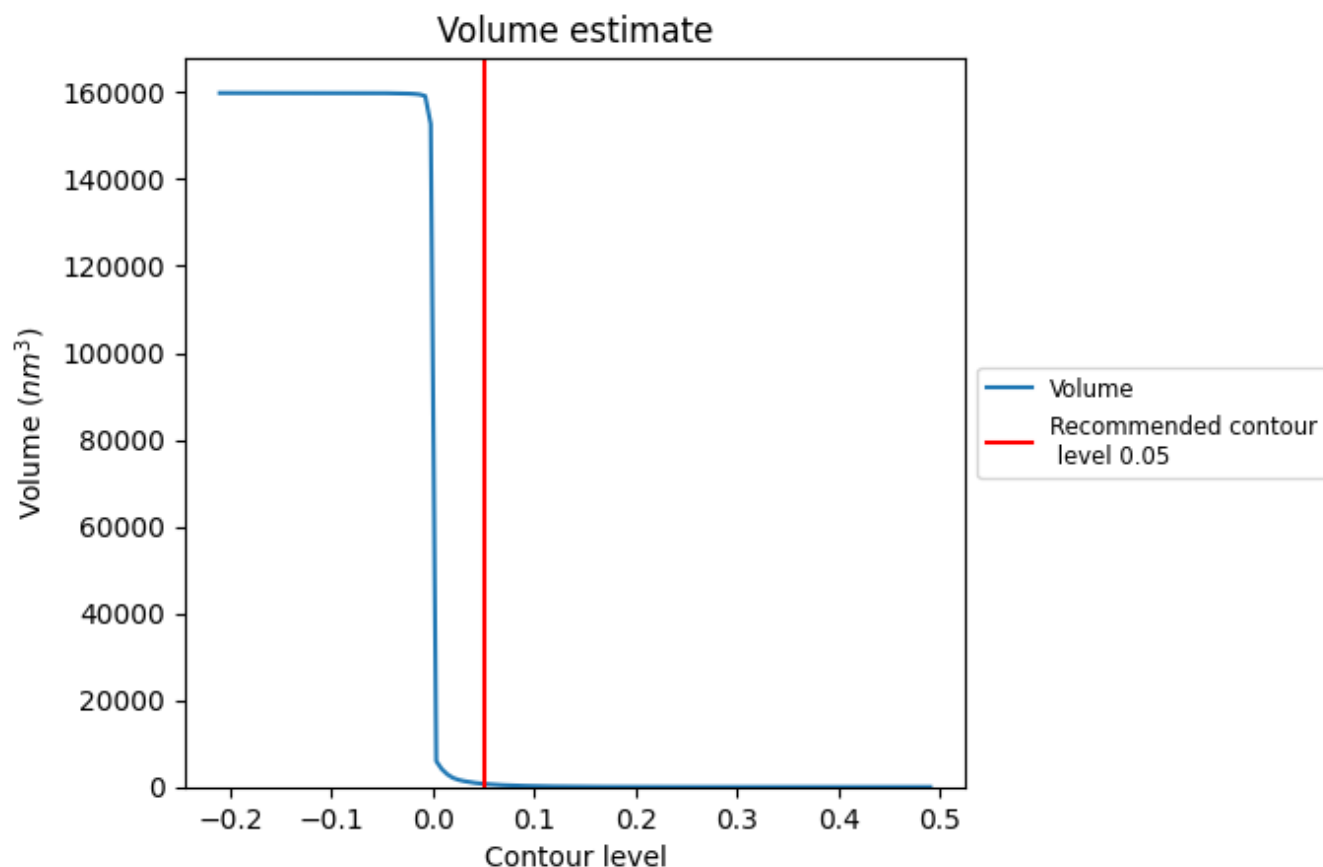
This section contains the results of statistical analysis of the map.

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.

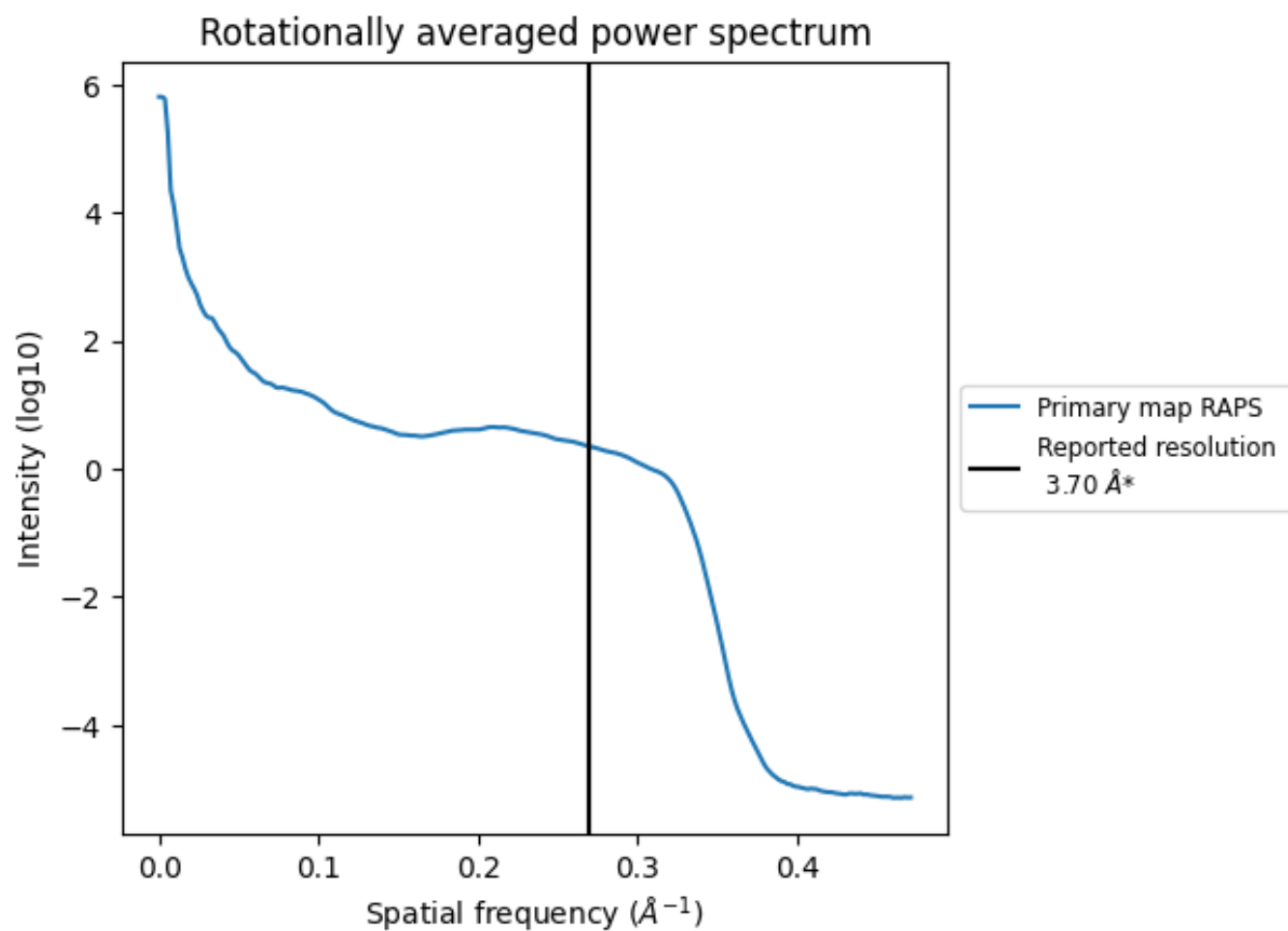
7.2 Volume estimate [i](#)



The volume at the recommended contour level is 724 nm^3 ; this corresponds to an approximate mass of 654 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 0.270 Å⁻¹

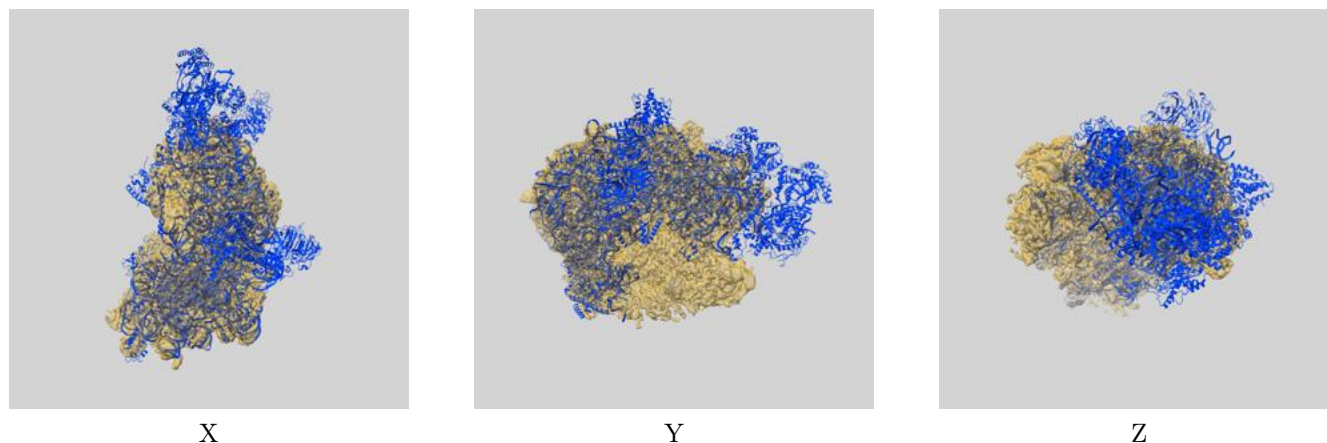
8 Fourier-Shell correlation ⓘ

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

9 Map-model fit [i](#)

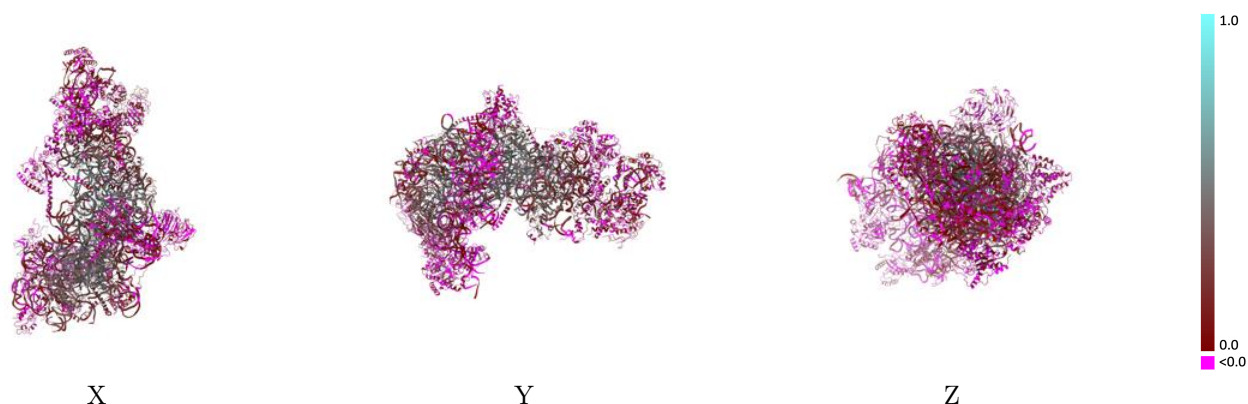
This section contains information regarding the fit between EMDB map EMD-24395 and PDB model 8ETI. Per-residue inclusion information can be found in [section 3](#) on [page 12](#).

9.1 Map-model overlay [i](#)



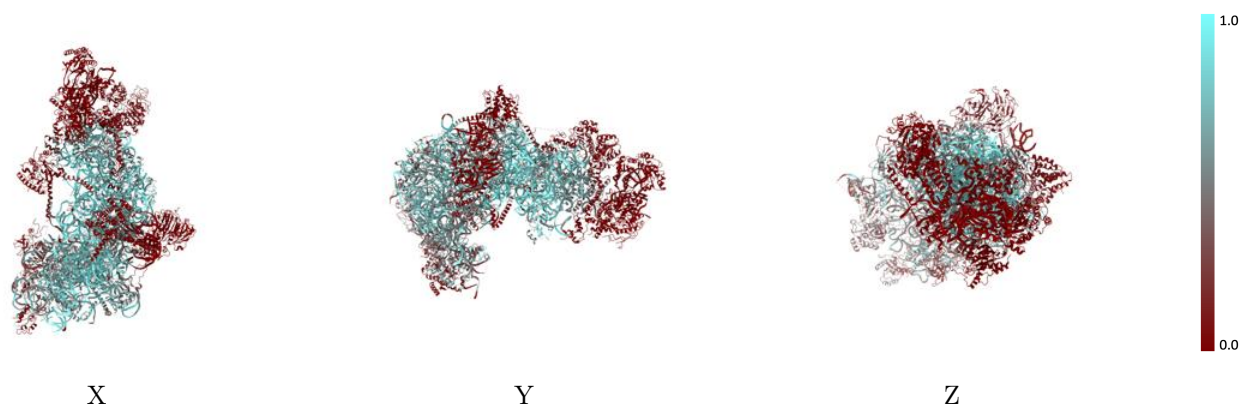
The images above show the 3D surface view of the map at the recommended contour level 0.05 at 50% transparency in yellow overlaid with a ribbon representation of the model coloured in blue. These images allow for the visual assessment of the quality of fit between the atomic model and the map.

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



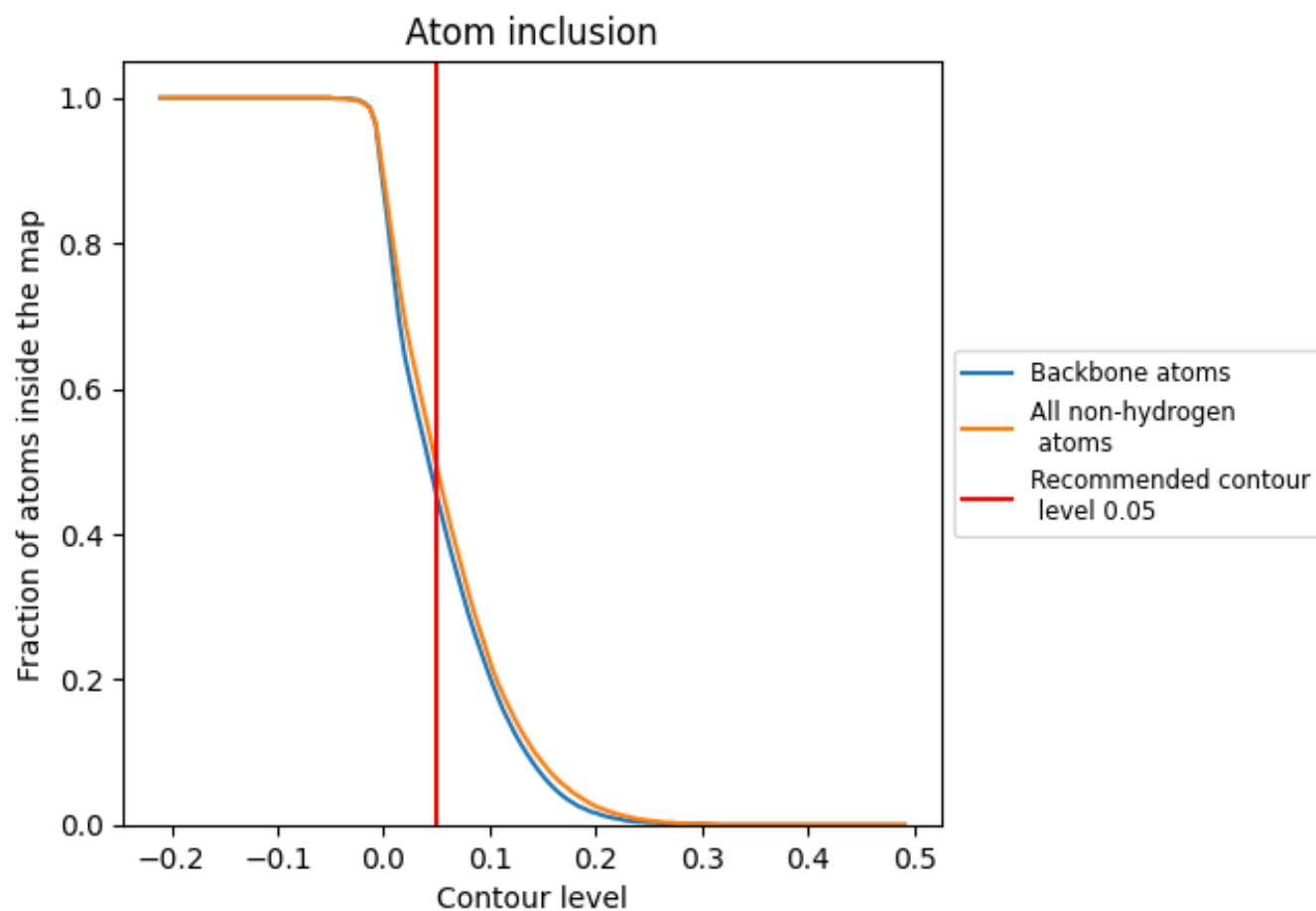
The images above show the model with each residue coloured according to its Q-score. This shows their resolvability in the map with higher Q-score values reflecting better resolvability. Please note: Q-score is calculating the resolvability of atoms, and thus high values are only expected at resolutions 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 (0.05).

9.4 Atom inclusion ⓘ



At the recommended contour level, 45% of all backbone atoms, 49% 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 (0.05) and Q-score for the entire model and for each chain.

Chain	Atom inclusion	Q-score
All	0.4910	0.1930
1	0.7230	0.2640
2	0.7740	0.3030
3	0.0950	0.0660
4	0.0010	0.0230
5	0.0000	-0.0020
6	0.0000	0.0910
A	0.0270	-0.0030
B	0.5030	0.1290
C	0.7530	0.4280
D	0.0060	-0.0100
E	0.4450	0.1270
F	0.6640	0.3560
G	0.3650	0.0980
H	0.5180	0.1110
J	0.0000	-0.0180
K	0.0000	0.0750
L	0.7120	0.3730
M	0.6150	0.2320
N	0.6610	0.2970
O	0.6950	0.3370
P	0.3920	0.0530
Q	0.6840	0.3500
S	0.6120	0.2970
T	0.3370	0.2730
V	0.2520	-0.0370
W	0.2140	0.0360
X	0.4930	0.1990
Y	0.7460	0.3550
b	0.2390	0.0380
d	0.4680	0.0530
e	0.6940	0.3750
f	0.7710	0.4090
h	0.6420	0.2830
i	0.4360	0.1280



Continued on next page...

Continued from previous page...

Chain	Atom inclusion	Q-score
j	 0.7590	 0.4040
m	 0.0010	 0.0230
n	 0.0030	 0.0640
o	 0.0000	 0.0840
r	 0.2390	 0.0300
t	 0.0000	 0.0550
u	 0.3210	 0.0090
v	 0.0280	 0.0140
x	 0.0080	 -0.0010
y	 0.2910	 -0.0090
z	 0.3580	 0.0840