



## wwPDB EM Map/Model Validation Report ⓘ

Apr 10, 2016 – 03:09 PM BST

PDB ID : 5A9Z  
EMDB ID: : EMD-6396  
Title : Complex of Thermosus thermophilus ribosome bound to BipA-GDPCP  
Authors : Kumar, V.; Chen, Y.; Ahmed, T.; Tan, J.; Ero, R.; Bhushan, S.; Gao, Y.-G.  
Deposited on : 2015-07-23  
Resolution : 4.70 Å(reported)

This is a wwPDB EM Map/Model Validation Report for a publicly released PDB/EMDB entry.  
For rigid body fitted models, validation errors reported here could stem from errors in the original structure(s) used in the fitting.  
We welcome your comments at [validation@mail.wwpdb.org](mailto:validation@mail.wwpdb.org)  
A user guide is available at  
<http://wwpdb.org/validation/2016/EMValidationReportHelp>

---

MolProbity : 4.02b-467  
Mogul : 1.7.1 (RC1), CSD as537be (2016)  
Percentile statistics : 20151230.v01 (using entries in the PDB archive December 30th 2015)  
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)  
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et. al. (1996)  
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : trunk27241

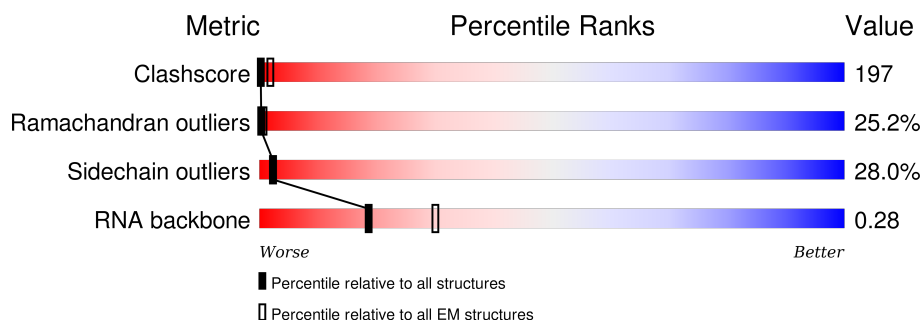
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

*ELECTRON MICROSCOPY*

The reported resolution of this entry is 4.70 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.









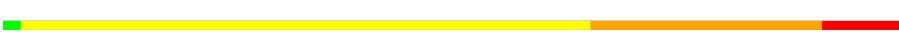





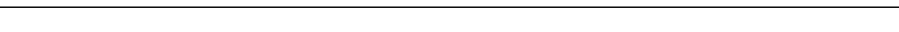

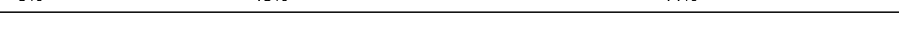

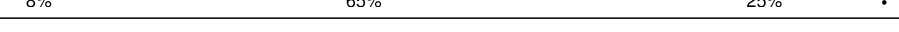




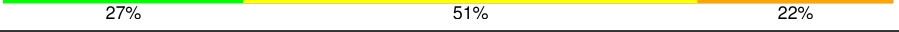



Metric	Whole archive (#Entries)	EM structures (#Entries)
Clashscore	114402	924
Ramachandran outliers	111179	726
Sidechain outliers	111093	686
RNA backbone	3027	244

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains. The red, orange, yellow and green segments on the bar indicate the fraction of residues that contain outliers for  $\geq 3$ , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria. A grey segment represents the fraction of residues that are not modelled. The numeric value for each fraction is indicated below the corresponding segment, with a dot representing fractions  $\leq 5\%$

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	AA	2889	
2	AB	123	
3	AC	228	
4	AD	272	
5	AE	206	
6	AF	208	
7	AG	182	
8	AH	174	


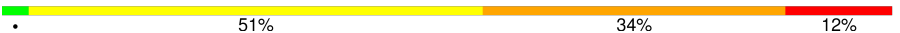
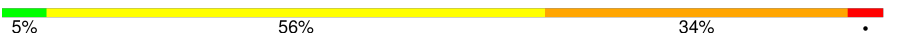


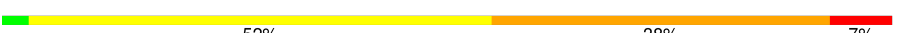
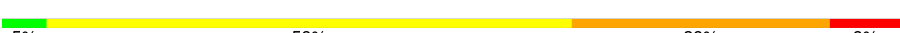




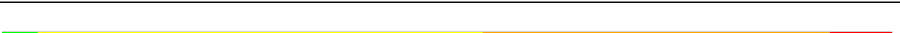







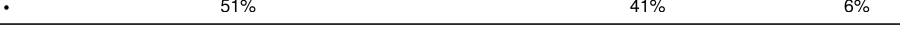


*Continued on next page...*

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
9	AI	153	
10	AJ	134	
11	AK	139	
12	AL	122	
13	AM	145	
14	AN	136	
15	AO	117	
16	AP	110	
17	AQ	117	
18	AR	117	
19	AS	101	
20	AT	110	
21	AU	94	
22	AV	110	
23	AW	180	
24	AX	85	
25	AY	67	
26	AZ	59	
27	Aa	71	
28	Ab	57	
29	Ac	49	
30	Ad	49	
31	Ae	64	
32	Af	37	
33	Ag	128	

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
34	BA	1515	
35	BF	234	
36	BG	206	
37	BH	208	
38	BI	150	
39	BJ	101	
40	BK	155	
41	BL	138	
42	BM	127	
43	BN	98	
44	BO	119	
45	BP	124	
46	BQ	114	
47	BR	60	
48	BS	88	
49	BT	83	
50	BU	104	
51	BV	73	
52	BW	80	
53	BX	99	
54	BY	24	
55	CA	593	

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

Mol	Type	Chain	Res	Chirality	Geometry	Clashes	Electron density
56	NMY	AA	3001	-	-	X	-
57	GCP	CA	701	-	-	X	-

## 2 Entry composition

There are 57 unique types of molecules in this entry. The entry contains 150547 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 23S ribosomal RNA.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
1	AA	2889	Total	C	N	O	P	0	0
			62218	27691	11629	20009	2889		

There are 23 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
AA	?	-	C	deletion	GB 37223181
AA	?	-	G	deletion	GB 37223181
AA	?	-	C	deletion	GB 37223181
AA	?	-	A	deletion	GB 37223181
AA	?	-	A	deletion	GB 37223181
AA	?	-	G	deletion	GB 37223181
AA	?	-	C	deletion	GB 37223181
AA	?	-	G	deletion	GB 37223181
AA	?	-	G	deletion	GB 37223181
AA	?	-	G	deletion	GB 37223181
AA	?	-	C	deletion	GB 37223181
AA	?	-	C	deletion	GB 37223181
AA	?	-	G	deletion	GB 37223181
AA	?	-	C	deletion	GB 37223181
AA	?	-	G	deletion	GB 37223181
AA	?	-	C	deletion	GB 37223181
AA	?	-	A	deletion	GB 37223181
AA	?	-	C	deletion	GB 37223181
AA	?	-	G	deletion	GB 37223181
AA	?	-	C	deletion	GB 37223181
AA	?	-	G	deletion	GB 37223181
AA	?	-	G	deletion	GB 37223181
AA	?	-	C	deletion	GB 37223181
AA	?	-	C	deletion	GB 37223181
AA	1134	G	UNK	conflict	GB 37223181

- Molecule 2 is a RNA chain called 5S ribosomal RNA.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
2	AB	123	Total	C	N	O	P	0	0
			2641	1175	488	855	123		

- Molecule 3 is a protein called 50S ribosomal protein L1.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
3	AC	228	Total	C	N	O	S	0	0
			1742	1102	318	319	3		

- Molecule 4 is a protein called 50S ribosomal protein L2.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
4	AD	272	Total	C	N	O	S	0	0
			2124	1339	424	358	3		

- Molecule 5 is a protein called 50S ribosomal protein L3.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
5	AE	206	Total	C	N	O	S	0	0
			1578	997	302	273	6		

- Molecule 6 is a protein called 50S ribosomal protein L4.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
6	AF	208	Total	C	N	O	S	0	0
			1625	1034	303	286	2		

- Molecule 7 is a protein called 50S ribosomal protein L5.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
7	AG	182	Total	C	N	O	S	0	0
			1482	947	269	261	5		

- Molecule 8 is a protein called 50S ribosomal protein L6.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
8	AH	174	Total	C	N	O	S	0	0
			1328	844	248	235	1		

- Molecule 9 is a protein called 50S ribosomal protein L10.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
9	AI	153	Total	C	N	O	0	0
			752	446	153	153		

- Molecule 10 is a protein called 50S ribosomal protein L11.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
10	AJ	134	Total	C	N	O	S	0	0
			993	632	175	181	5		

- Molecule 11 is a protein called 50S ribosomal protein L13.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
11	AK	139	Total	C	N	O	S	0	0
			1113	717	207	186	3		

- Molecule 12 is a protein called 50S ribosomal protein L14.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
12	AL	122	Total	C	N	O	S	0	0
			932	587	171	170	4		

- Molecule 13 is a protein called 50S ribosomal protein L15.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
13	AM	145	Total	C	N	O	S	0	0
			1106	688	226	190	2		

- Molecule 14 is a protein called 50S ribosomal protein L16.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
14	AN	136	Total	C	N	O	S	0	0
			1080	688	204	183	5		

- Molecule 15 is a protein called 50S ribosomal protein L17.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
15	AO	117	Total	C	N	O	0	0
			960	599	202	159		

- Molecule 16 is a protein called 50S ribosomal protein L18.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
16	AP	110	Total	C	N	O	0	0
			877	553	175	149		

- Molecule 17 is a protein called 50S ribosomal protein L19.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
17	AQ	117	Total	C	N	O	S	0
			976	614	197	164	1	0

- Molecule 18 is a protein called 50S ribosomal protein L20.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
18	AR	117	Total	C	N	O	S	0
			964	610	202	151	1	0

- Molecule 19 is a protein called 50S ribosomal protein L21.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
19	AS	101	Total	C	N	O	S	0
			779	501	142	135	1	0

- Molecule 20 is a protein called 50S ribosomal protein L22.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
20	AT	110	Total	C	N	O	S	0
			876	552	171	151	2	0

- Molecule 21 is a protein called 50S ribosomal protein L23.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
21	AU	94	Total	C	N	O		0
			742	483	133	126		0

- Molecule 22 is a protein called 50S ribosomal protein L24.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
22	AV	110	Total	C	N	O	S	0
			844	539	158	141	6	0

- Molecule 23 is a protein called 50S ribosomal protein L25.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
23	AW	180	Total	C	N	O	S	0	0
			1435	916	256	260	3		

- Molecule 24 is a protein called 50S ribosomal protein L27.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
24	AX	85	Total	C	N	O	S	0	0
			670	415	141	112	2		

- Molecule 25 is a protein called 50S ribosomal protein L29.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
25	AY	67	Total	C	N	O	S	0	0
			567	350	116	99	2		

- Molecule 26 is a protein called 50S ribosomal protein L30.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
26	AZ	59	Total	C	N	O	S	0	0
			469	298	90	81			

- Molecule 27 is a protein called 50S ribosomal protein L31.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
27	Aa	71	Total	C	N	O	S	0	0
			581	364	108	104	5		

- Molecule 28 is a protein called 50S ribosomal protein L32.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
28	Ab	57	Total	C	N	O	S	0	0
			445	279	87	74	5		

- Molecule 29 is a protein called 50S ribosomal protein L33.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
29	Ac	49	Total	C	N	O	S	0	0
			426	265	87	70	4		

- Molecule 30 is a protein called 50S ribosomal protein L34.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
30	Ad	49	Total	C	N	O	S	0	0
			430	263	108	57	2		

- Molecule 31 is a protein called 50S ribosomal protein L35.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
31	Ae	64	Total	C	N	O	S	0	0
			515	331	102	79	3		

- Molecule 32 is a protein called 50S ribosomal protein L36.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
32	Af	37	Total	C	N	O	S	0	0
			307	188	68	47	4		

- Molecule 33 is a protein called Unknown peptide.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
33	Ag	128	Total	C	N	O		0	5
			620	369	128	123			

- Molecule 34 is a RNA chain called 16S ribosomal RNA.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
34	BA	1515	Total	C	N	O	P	0	0
			32554	14490	6022	10527	1515		

- Molecule 35 is a protein called 30S ribosomal protein S2.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
35	BF	234	Total	C	N	O	S	0	0
			1900	1213	341	341	5		

- Molecule 36 is a protein called 30S ribosomal protein S3.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
36	BG	206	Total	C	N	O	S	0	0
			1612	1016	314	281	1		

- Molecule 37 is a protein called 30S ribosomal protein S4.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
37	BH	208	Total	C	N	O	S	0	0
			1703	1066	339	291	7		

- Molecule 38 is a protein called 30S ribosomal protein S5.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
38	BI	150	Total	C	N	O	S	0	0
			1146	724	217	201	4		

- Molecule 39 is a protein called 30S ribosomal protein S6.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
39	BJ	101	Total	C	N	O	S	0	0
			843	531	155	154	3		

- Molecule 40 is a protein called 30S ribosomal protein S7.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
40	BK	155	Total	C	N	O	S	0	0
			1257	781	252	218	6		

- Molecule 41 is a protein called 30S ribosomal protein S8.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
41	BL	138	Total	C	N	O	S	0	0
			1116	705	215	193	3		

- Molecule 42 is a protein called 30S ribosomal protein S9.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
42	BM	127	Total	C	N	O		0	0
			1010	639	197	174			

- Molecule 43 is a protein called 30S ribosomal protein S10.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
43	BN	98	Total	C	N	O	S	0	0
			794	499	156	138	1		

- Molecule 44 is a protein called 30S ribosomal protein S11.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
44	BO	119	Total	C	N	O	S	0	0
			885	549	168	165	3		

- Molecule 45 is a protein called 30S ribosomal protein S12.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
45	BP	124	Total	C	N	O	S	0	0
			970	611	195	163	1		

- Molecule 46 is a protein called 30S ribosomal protein S13.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
46	BQ	114	Total	C	N	O	S	0	0
			914	565	189	158	2		

- Molecule 47 is a protein called 30S ribosomal protein S14 type Z.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
47	BR	60	Total	C	N	O	S	0	0
			492	312	104	72	4		

- Molecule 48 is a protein called 30S ribosomal protein S15.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
48	BS	88	Total	C	N	O	S	0	0
			734	459	147	126	2		

- Molecule 49 is a protein called 30S ribosomal protein S16.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
49	BT	83	Total	C	N	O	S	0	0
			700	443	139	117	1		

- Molecule 50 is a protein called 30S ribosomal protein S17.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
50	BU	104	Total	C	N	O	S	0	0
			857	547	161	147	2		

- Molecule 51 is a protein called 30S ribosomal protein S18.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
51	BV	73	Total	C	N	O	0	0
			597	380	118	99		

- Molecule 52 is a protein called 30S ribosomal protein S19.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
52	BW	80	Total	C	N	O	S	0	0
			647	414	119	112	2		

- Molecule 53 is a protein called 30S ribosomal protein S20.

Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
53	BX	99	Total	C	N	O	S	0	0
			763	470	162	129	2		

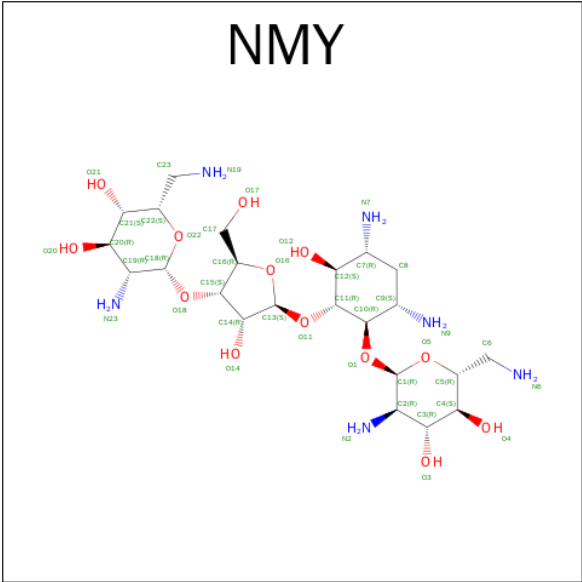
- Molecule 54 is a protein called 30S ribosomal protein Thx.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
54	BY	24	Total	C	N	O	0	0
			208	128	50	30		

- Molecule 55 is a protein called BipA.

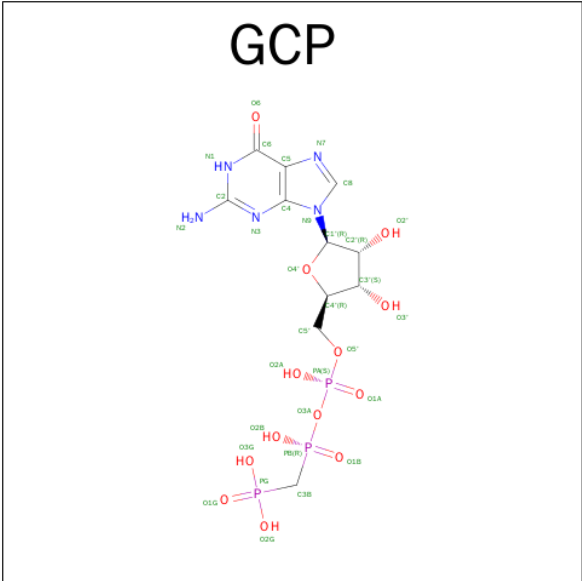
Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf	Trace
55	CA	593	Total	C	N	O	S	0	0
			4532	2856	791	868	17		

- Molecule 56 is NEOMYCIN (three-letter code: NMY) (formula: C<sub>23</sub>H<sub>46</sub>N<sub>6</sub>O<sub>13</sub>).



Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf
56	AA	1	Total	C	N	O	0
			42	23	6	13	
56	BB	1	Total	C	N	O	0
			42	23	6	13	

- Molecule 57 is PHOSPHOMETHYLPHOSPHONIC ACID GUANYLATE ESTER (three-letter code: GCP) (formula: C<sub>11</sub>H<sub>18</sub>N<sub>5</sub>O<sub>13</sub>P<sub>3</sub>).

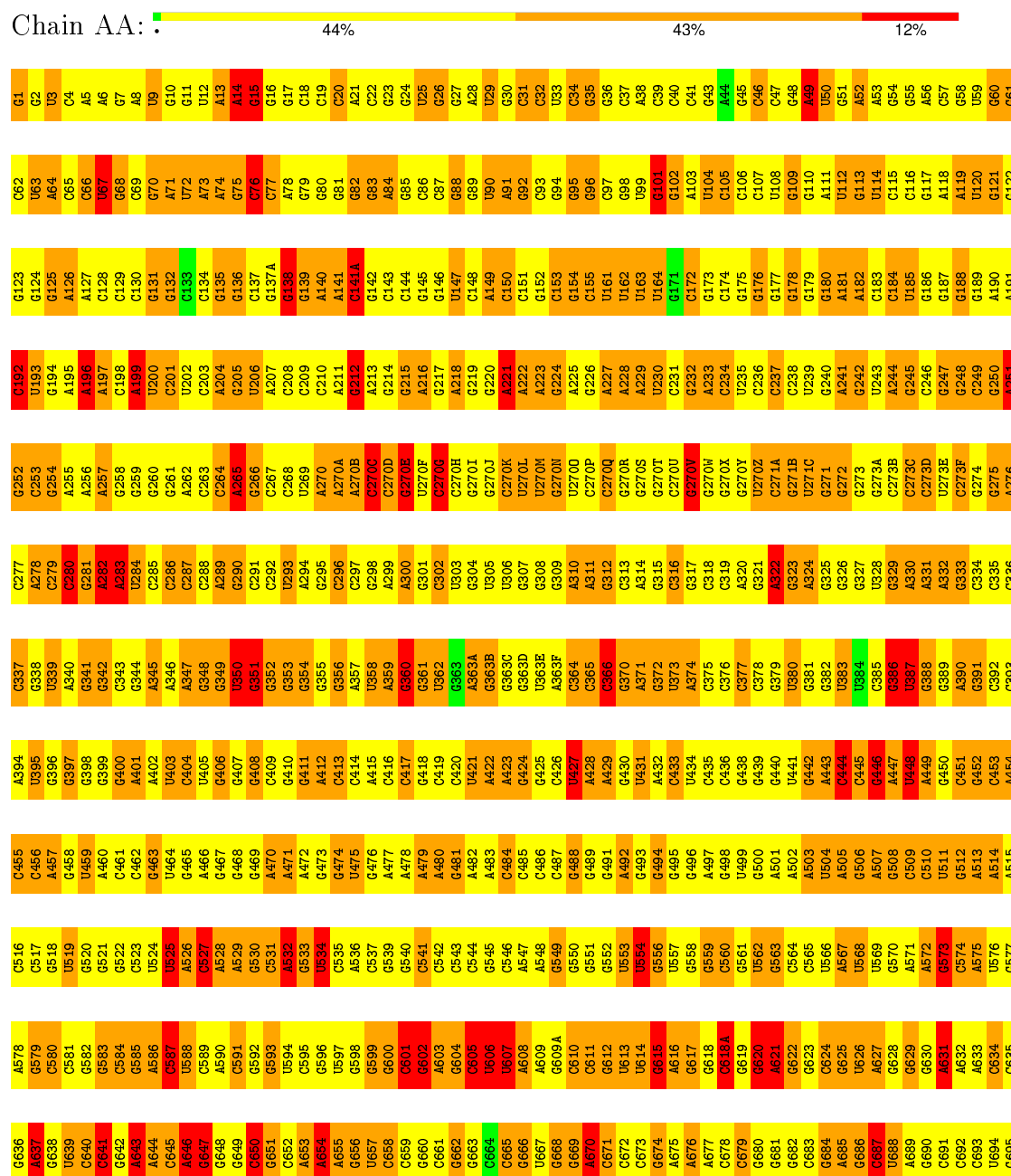


Mol	Chain	Residues	Atoms					AltConf
57	CA	1	Total	C	N	O	P	0
			32	11	5	13	3	

### 3 Residue-property plots

These plots are drawn for all protein, RNA and DNA chains in the entry. The first graphic for a chain summarises the proportions of errors displayed in the second graphic. The second graphic shows the sequence view annotated by issues in geometry. Residues are color-coded according to the number of geometric quality criteria for which they contain at least one outlier: green = 0, yellow = 1, orange = 2 and red = 3 or more. Stretches of 2 or more consecutive residues without any outlier are shown as a green connector. Residues present in the sample, but not in the model, are shown in grey.

#### • Molecule 1: 23S ribosomal RNA



C1598	C1538	A1477	G1448	G1368	C1298	G1238	A1177	G1117	A1057	G997	G938	C876	C816	C756	G696
C1599	G1539	G1478	A1419	A1369	G1299	G1239	C1178	C1118	G1058	C998	G939	U877	C817	U757	C697
C1600	G1540	G1479	A1420	A1360	U1300	U1240	C1179	C1119	G1059	U999	G940	A878	C818	U758	C698
C1601	U1541	G1480	G1421	G1361	A1301	A1241	G1120	G1120	U1060	A1000	A941	G879	A819	G759	A699
U1602	U1482	U1483	G1422	C1362	A1302	A1242	C1121	C1121	U1061	A1001	G942	G880	A820	G760	G701
C1603	A1543	G1483	G1423	C1363	G1303	G1243	C1182	G1122	G1062	G1002	U943	G881	A821	A761	G702
C1604	C1544	G1484	G1424	G1364	C1304	G1244	G1183	C1123	G1063	G1003	G844	G882	U822	U762	G703
C1605	A1545	G1485	G1425	A1365	C1305	G1245	G1184	C1124	U1065	C1004	A945	G883	G823	G763	U703
C1606	A1546	A1486	G1426	A1366	C1306	A1246	C1185	G1125	U1066	C1005	G946	G884	A824	A764	G704
C1607	C1547	G1487	A1427	A1367	A1307	A1247	G1186	A1126	U1067	C1006	G947	C885	C825	C765	A705
C1608	G1488	G1488	G1428	G1368	A1308	G1248	G1187	A1127	A1067	C1007	G948	C886	U826	C766	A706
A1609	U1489	U1489	G1429	G1369	G1309	U1249	U1188	A1128	G1068	U1008	C949	A887	U827	U767	G707
A1610	A1490	A1490	C1430	C1370	G1310	G1250	A1189	A1129	A1069	A1009	G950	C888	U828	G768	C708
C1611	G1491	U1491	U1431	G1371	G1311	G1251	G1190	U1130	A1070	A1010	C951	C889	A829	G769	U709
C1612	G1492	G1492	G1432	U1372	U1312	G1252	G1191	G1131	G1071	G1011	G952	A890	C830	G770	G710
C1613	C1493	U1493	U1433	A1373	G1313	G1253	G1192	A1132	C1072	U1012	A953	A891	C831	G771	G711
A1614	A1494	A1494	A1434	G1374	C1314	A1254	G1193	U1133	A1073	C1013	G954	C893	C832	U772	G712
C1615	A1495	A1495	G1435	C1375	C1315	U1255	A1194	G1134	G1074	U1014	C955	C894	U833	U773	G713
A1616	A1496	A1496	G1436	C1376	U1316	G1256	G1195	C1135	C1075	G1015	G956	U935	C834	A774	U714
C1617	U1497	U1497	C1437	G1377	A1317	C1257	C1196	G1136	C1076	G1016	A957	A896	A835	G775	G715
A1618	U1498	U1498	U1438	A1378	C1318	C1258	G1197	G1137	A1077	C1017	G958	C897	G836	G776	A716
G1619	A1499	A1499	A1439	G1379	G1319	G1259	U1198	G1138	U1078	C1018	A959	C898	C837	A777	G717
G1620	G1500	G1500	G1440	G1380	C1320	G1260	U1199	G1139	C1079	U1019	A960	A899	C838	G778	A718
U1621	C1501	G1441	G1441	G1381	A1321	C1261	C1200	G1140	C1080	A1020	C961	A900	U839	U779	C719
G1622	G1502	G1442	G1442	G1382	A1322	A1262	C1201	U1141	U1081	A1021	G962	A901	C840	G780	C720
C1623	U1503	G1443	G1443	C1383	U1323	U1263	C1202	U1142	U1082	G1022	U963	C902	A841	A781	C721
G1624	C1504	G1444	G1444	A1384	G1324	G1264	G1203	A1142A	U1083	U1023	C964	C903	G842	A782	C722
C1625	C1505	A1444A	A1444A	A1385	G1325	A1265	A1204	A1143	A1084	G1024	C965	C904	G843	A783	G723
G1626	C1506	G1445	G1445	C1386	U1326	G1266	U1205	G1144	A1085	G1025	G966	U905	C844	A784	U724
G1627	A1507	G1446	C1446	C1387	G1327	U1267	G1206	C1145	A1086	U1026	C967	G906	G845	G785	G725
G1628	A1508	G1447	G1447	G1388	G1328	A1268	C1207	C1146	G1087	A1027	G968	U907	C846	G786	G726
U1629	C1509	G1448	G1448	G1389	U1329	A1269	C1208	C1147	A1088	A1028	U969	C908	U847	U787	A727
G1630	A1510	A1449	A1449	U1390	C1330	C1270	G1209	A1148	G1089	A1029	C970	A909	G848	A788	G728
C1630A	A1511	G1450	G1449A	U1391	A1331	G1271	A1210	G1149	U1090	G1030	C971	A910	A849	A789	G729
A1631	G1512	C1451	C1450	A1392	G1332	A1272	U1211	C1150	G1091	A1031	C972	A911	C850	C790	C730
A1632	C1513	C1451	C1451	C1393	C1333	U1273	G1212	G1151	G1092	A1032	A973	C912	U851	C791	C731
G1633	U1514	G1453	G1453	U1394	G1334	A1274	A1213	C1152	G1093	U1033	G974	U913	G852	G792	C732
A1634	C1515	U1454	U1454	U1395	U1335	A1275	A1214	C1153	U1094	G1034	C974A	C914	G853	A793	G733
C1635	U1516	G1455	G1455	U1396	A1336	A1276	G1215	G1154	A1095	U1035	G975	C915	G854	G794	A734
G1636	G1517	G1456	G1456	U1397	G1337	G1277	G1216	A1155	A1096	G1036	C976	G916	G855	C795	A735
A1637	C1518	A1457	C1457	C1398	G1338	A1278	C1217	A1156	U1097	G1037	G977	A917	C856	C796	C736
C1638	G1519	C1458	C1458	C1399	G1339	G1279	G1217	G1157	A1098	C1038	G978	A918	C857	C797	C737
A1639	U1520	G1459	G1459	G1401	U1340	G1280	A1220	C1158	G1099	G1039	G979	G919	U858	G798	G738
G1640	G1521	G1460	G1460	G1402	U1341	G1281	C1221	U1159	C1100	C1040	A980	G920	G859	G799	G739
A1641	G1522	G1461	G1461	C1403	A1342	U1282	C1222	G1160	U1101	C1041	A981	G921	U860	A800	U740
G1642	U1523	C1462	C1462	C1403	G1343	G1283	C1223	C1161	C1102	G1042	C982	U922	A861	G801	G741
C1643	A1583	C1463	C1463	C1404	G1344	A1284	G1224	G1162	A1103	C1043	A983	C923	G862	A802	G742
G1644	G1525	C1464	C1464	U1405	C1345	G1285	G1225	G1163	C1104	G1044	A984	C924	A863	U803	G743
G1645	G1526	G1465	G1465	U1406	G1346	A1286	G1226	G1164	U1105	A1045	C985	C925	G864	A804	G744
G1646	G1527	G1466	G1466	C1407	G1347	A1287	A1227	U1165	G1106	A1046	C986	A926	C865	G805	G745
G1647	C1528	C1467	C1467	C1408	G1348	U1288	G1228	C1166	G1107	G1047	C987	G928	A866	C806	A746
C1648	A1529	C1468	C1468	C1409	A1349	U1289	C1229	U1167	U1108	A1048	A988	G929	C867	U807	U747
G1649	U1590	A1469	C1469	C1350	C1350	C1290	C1230	G1168	C1109	C1049	G989	U930	U868	G808	G748
C1650	G1591	C1470	C1470	C1411	C1351	C1291	G1231	G1169	A1110	A1050	G990	G931	G869	G809	G749
G1651	C1532	A1471	A1471	U1412	U1352	U1292	G1232	G1170	A1111	G1051	C991	G932	A870	U810	A750
C1652	G1533	A1472	A1472	G1413	A1353	C1293	C1233	G1171	G1112	C1052	C992	A933	U871	U811	A751
G1653	G1534	G1473	G1473	G1414	A1354	U1294	U1234	G1173	U1113	C1053	G993	G934	A872	C812	A752
A1654	U1535	C1474	C1474	U1415	G1355	C1295	U1235	G1174	G1114	A1054	C994	C935	G873	U813	C753
C1655	G1475	G1475	G1475	G1416	G1356	G1296	G1236	U1175	G1115	G1055	C995	G936	G874	C814	C754
C1656	C1537	C1476	C1476	C1417	U1357	C1297	A1237	G1176	C1116	G1056	A996	U937	G875	C815	C755

U2593	A2533	U2473	G2413	G2353	C2293	U2233	C2163	U2102	A2042	C1982	G1922	A1853	G1793	G1726	C1657
C2594	A2534	C2474	G2414	G2354	C2294	G2234	C2164	C2103	C2043	C1983	U1923	A1854	U1794	U1727	C1658
G2595	G2535	C2475	G2415	C2355	G2295	G2235	G2165	C2104	C2044	G1984	G1924	G1855	G1795	G1728	U1659
U2596	G2536	A2476	C2416	C2356	U2296	G2236	G2166	C2105	C2045	G1985	C1925	C2046	U1796	A1729	U1660
C2597	U2537	C2477	C2417	G2357	C2297	G2237	U2167	G2106	G2046	A1986	U1926	G1857	C1797	G1661	G1661
A2598	C2538	A2478	A2418	C2358	C2298	G2238	U2168	C2107	U2047	G1987	A1927	G1858	U1798	G1730	G1662
G2599	G2539	C2479	U2419	C2359	G2299	G2239	A2169		G2048	C1988	A1928	A1859	G1799	A1732	C1663
A2600	C2540	C2480	C2420	A2360	G2300	G2240	A2170		G2049	C1989	G1929	G1860	C1800	G1733	A1664
G2601	A2541	G2481	G2421	A2361	C2301	C2241	A2171	G2110	C2050	G1990	G1930	G1861	G1801	C1734	A1665
A2602	A2542	C2482	A2422	C2362	G2302	G2242	U2172	C2111	A2051	G1991	U1931	G1862	A1802	C1735	G1666
G2603	C2543	G2483	U2423	C2363	G2303	G2243	A2173	G2112	G2052	G1992	A1932	G1863	A1803	G1741	G1667
U2604	G2544	G2484	C2424	C2364	G2304	U2244	C2174	U2113	G2053	G1993	G1933	U1864	A1804	C1742	A1668
G2605	G2545	G2485	A2425	A2365	A2305	U2245	C2175	G2114	A2054	C1994	G1934	G1865	U1805	G1743	A1669
C2606	U2546		A2426	A2366	C2306	G2246	A2176	G2115	C2055	U1995	G1935	C1870	C1806	G1746	C1670
G2607	U2547	G2487	G2427	G2367	G2307	A2247	C2177	G2116	G2056	C1996	A1936	A1871	G1807		U1671
G2608	G2548	A2488	G2428	C2368	G2308	C2248	C2178	A2117	A2057	G1997	A1937	A1872	U1808	G1747	U1672
U2609	G2549	C2489	C2429	A2369	A2309	U2249	C2179	A2118	A2058	G1998	A1938	G1878	A1809	A1749	U1673
C2610	G2550	G2490	A2430	G2370	A2310	G2250	U2180	A2119	A2059	C1999	U1939	A1879	A1810	G1750	G1674
U2611	C2551	U2491	U2431	G2371	A2311	G2251	G2181	G2121	A2060	G2000	U1940	C1880	G1811	C1751	C1675
C2612	U2552	U2492	A2432	G2372	U2312	G2252	G2182	U2122	G2061	A2001	C1941	C1881	A1812	C1752	A1676
U2613	G2553	C2493	C2433	G2373	C2313	G2253	G2183	G2123	A2062	G2002	C1942	C1882	G1813	G1753	A1677
A2614	U2554	G2494	A2434	C2374	C2314	C2254	G2184	G2124	C2063	G2003	U1943	G1883	A1814	C1754	G1678
G2615	U2555	G2495	A2435	G2375	G2315	G2255	C2185	G2125	C2064	G2004	U1944	G1884	A1815	A1755	U1679
C2616	C2556	G2496	A2436	A2376	G2316	G2256	G2186	A2126	C2065	A2005	G1945	A1885	G1816	G1756	U1680
G2617	G2557	A2497	U2437	A2377	C2317	U2257	G2187	G2127	C2066	C2006	U1946	C1886	G1817	U1757	G1681
G2618	C2558		U2438	A2378	G2318	C2258	C2188	C2128	G2067	C2007	C1947	C1887	U1818	G1758	G1682
C2619	G2559	C2498	A2439	G2379	G2319	G2259	U2189	C2129	U2068	C2008	G1948	G1888	A1819		C1683
U2620	C2560	U2500	C2440	C2380	A2320	C2260	G2190	U2130	C2069	G2009	G1949	A1889	U1820	A1760	C1684
A2621	A2561	C2501	C2441	C2381	G2321	C2261	G2191	G2131	G2070	G2010	G1950	A1890	A1821	C1761	C1685
C2622	U2562	G2502	C2442	G2382	A2322	U2262	G2192	U2132	A2071	U2011	U1951	A1891	G1822	A1762	C1686
G2623	G2563	A2503	C2443	C2383	G2323	C2263	G2193	G2133	G2072	G2012	A1952	C1892	G1823	G1763	G1687
U2624	A2564	U2504	G2444	G2384	C2324	C2264	G2194	A2134	C2073	A2013	A1953	C1893	G1824	G1764	U1688
G2625	C2565	G2505	G2445	C2385	G2325	U2265	C2195	A2135	U2074	A2014	G1954	C1894	A1825	C1765	A1689
C2626	A2566	U2506	C2446	C2386	C2326	A2266	C2196	C2136	U2075	A2015	U1955	C1895	G1826	U1766	C1690
G2627	G2567	U2507	G2447	U2387	A2327	A2267	U2197	C2137	U2076	U2016	G1956	G1896	C1827	C1767	A1691
C2628	C2568	A2508	A2448	A2388	A2328	A2268	A2198	C2138	A2077	C1957	G1958	U1898	G1828	U1768	U1692
U2629	G2569	G2509	U2449	G2389	G2329	A2269	A2199	C2139	C2078	U2017	C1959	G1899	A1829	G1769	U1693
G2630	C2570	C2510	A2450	U2390	G2330	G2270	C2205	C2140	U2079	A2019	G1959	G1899	C1830	G1770	C1694
U2631	C2571	U2511	A2451	G2391	G2331	G2271	C2206	G2141	G2080	A2020	A1960	A1900	G1831	C1771	G1695
A2632	A2572	C2512	C2452	A2392	U2332	U2272	C2207	C2142	C2081	C2021	C1961	A1901	C1832	G1772	G1696
G2633	G2573	G2513	A2453	A2393	A2333	A2273	U2208	C2143	A2082	U2022	C1962	G1902	U1833	A1773	G1697
C2634	C2574	U2514	G2454	C2394	G2334	A2274	C2209	U2144	G2083	G2023	U1963	G1903	U1834	C1774	A1698
G2635	U2575	C2515	G2455	C2395	A2335	C2275	G2210	C2145	C2084	G2024	G1964	G1904	G1835	U1775	G1699
U2636	G2576	G2516	C2456	G2396	A2336	G2276	G2211	C2146	C2085	G2025	C1965	C1905	C1836	G1776	A1700
C2637	A2577	C2517	U2457	G2397	G2337	G2277	A2212	G2147	U2086	C2026	A1966	G1906	C1837	U1777	A1701
G2638	G2578	U2518	G2458	G2398	G2338	A2278	G2213	G2148	G2087	G2027	C1967	G1907	C1838	U1778	G1702
A2639	C2579	A2519	A2459	G2399	G2339	G2279	G2215	G2149	G2088	U2028	G1968	C1908	G1839	U1779	G1703
G2640	U2580	C2520	G2460	G2400	G2340	G2280	G2216	U2150	U2089	G2029	A1969	C1909	G1840	G1780	G1704
G2641	C2581	G2521	C2461	U2401	G2341	G2281	G2217	G2151	G2090	A2030	A1970	G1910	U1841	C1781	G1705
U2642	G2582	U2522	U2462	C2402	C2342	G2282	G2218	G2152	U2091	A2031	A1971	U1911	G1842	C1782	U1706
G2643	G2583	G2523	C2463	C2343	C2343	C2283	G2219	G2153	U2092	G2032	A1972	A1912	C1843	A1783	G1707
C2644	U2584	G2524	C2464	U2344	U2344	C2284	G2224	G2154	G2093	A2033	G1973	A1913	C1844	A1784	C1708
G2645	G2585	G2525	C2465	G2345	G2345	C2285	A2225	G2155	G2094	U2034	C1974	G1914	G1845	A1785	U1709
C2646	C2586	U2526	A2466	A2346	A2346	A2286	C2226	G2156	C2095	G2035	G1975	U1915	G1846	A1786	C1710
U2647	A2587	C2527	C2467	G2407	C2347	G2287	A2227	U2096	U2096	G2036	U1976	A1916	A1847	C1711	G1711
G2648	G2588	U2528	U2468	U2348	U2348	A2288	G2228	G2158	C2097	G2037	A1977	U1917	A1848	C1712	C1712
U2649	A2589	G2529	A2469	G2409	G2349	G2289	C2229	G2159	U2098	G2038	A1978	A1918	G1849	A1788	U1716
C2650	U2590	A2530	G2470	G2410	C2350	G2290	G2230	G2160	U2099	C2039	G1979	A1919	G1850	C1790	G1717
U2651	C2591	A2531	C2471	A2411	G2351	G2291	C2231	C2161	C2040	G1980	C1979	A1920	U1851	A1791	G1718
C2652	G2592	G2532	G2472	A2412	A2352	C2292	U2232	G2162	G2101	U2041	A1981	G1921	C1852	G1792	G1725


U2653	A2712A	C2772	C2835	C2896
A2654	A2713	C2773	U2836	U2897
U2655	G2714	G2774	G2837	U2898
U2656	C2715	A2775	G2838	G2899
A2657	U2716	A2776	G2839	A2900
C2658	G2717	G2777	C2840	C2901
G2659	G2718	A2778	C2841	C2902
A2660	G2719	G2779	G2842	
G2661	U2720	U2780	G2843	
A2662	A2721	A2781	G2844	
C2663	G2722	G2782	G2845	
G2664	C2723	G2783	U2846	
A2665	G2724	C2784	U2847	
C2666	A2725	C2785	G2848	
C2667	U2726	U2786	U2849	
G2668	G2727	G2787	A2850	
C2669	U2728	C2788	A2851	
A2670	G2729	G2789	C2852	
A2671	C2730	A2790	C2853	
G2672	G2731	G2791	G2854	
C2673	G2732	G2792	C2855	
G2674	A2733	C2793	C2856	
A2675	G2734	G2794	G2857	
C2676	G2735	G2795	C2858	
G2677	G2736	U2797	G2859	
C2678	G2737	C2798	A2860	
A2679	A2738	A2799	G2861	
C2680	U2739	A2801	C2862	
C2681	A2740	C2802	C2863	
U2682	A2741	C2803	G2864	
C2683	C2742	U2804	U2865	
U2684	C2743	G2805	U2866	
G2685	C2744	G2807	G2867	
C2686	U2745	U2808	A2868	
U2687	G2746	C2809	G2869	
U2688	A2747	C2810	C2870	
U2689	G2748	G2811	C2871	
C2690	A2749	G2812	G2872	
C2691	A2750	A2813	A2873	
A2693	G2751	C2814	C2874	
C2694	C2752	C2815	C2875	
G2695	A2753	C2816	G2876	
U2696	U2754	G2817	G2877	
G2697	G2755	G2818	U2878	
U2698	U2756	G2819	C2879	
C2699	A2757	A2820	C2880	
C2700	G2758	A2821	C2881	
C2701	G2759	G2822	A2882	
U2702	C2760	A2823	A2883	
C2703	G2761	C2824	U2884	
C2704	G2762	C2825	C2885	
A2705	G2763	A2826	G2886	
G2706	A2764	C2827	U2887	
G2707	A2765	C2828	C2888	
G2708	G2766	C2829	C2889	
G2709	C2767	G2830	G2891	
C2710	C2768	G2831	A2892	
A2711	G2769	U2832	G2893	
U2712	G2770	G2833	G2894	
	G2771	U2834	U2895	

• Molecule 2: 5S ribosomal RNA

Chain AB:  52% 39% 9%

A-1	A59	G118
A0	C60	A119
U1	G61	U120
C2	C62	
C3	G63	
C4	C64	
C5	C65	
C6	A66	
G7	G67	
U8	C68	
G9	G69	
C10	C70	
C11	C71	
C12	G72	
A13	A73	
U14	U74	
G15	G75	
C16	G76	
C17	U77	
G18	A78	
C19	C79	
C20	U80	
G21	G81	
U22	G82	
C23	G83	
G24	C84	
A25	G85	
C26	G86	
C27	C87	
C28	C88	
A29	G89	
C30	A89A	
C31	C89A	
C32	C91	
G33	G92	
U34	C93	
U35	C94	
C36	U95	
C37	G96	
C38	G97	
A39	G98	
U40	A99	
U41	G100	
C42	A101	
C43	G102	
G44	U103	
A45	A104	
A46	G105	
C47	G106	
U48	U107	
A49	C108	
G50	G109	
G51	G110	
A52	U111	
A53	G112	
G54	C113	
U55	G114	
G56	G115	
A57	G116	
U58	G117	

• Molecule 3: 50S ribosomal protein L1

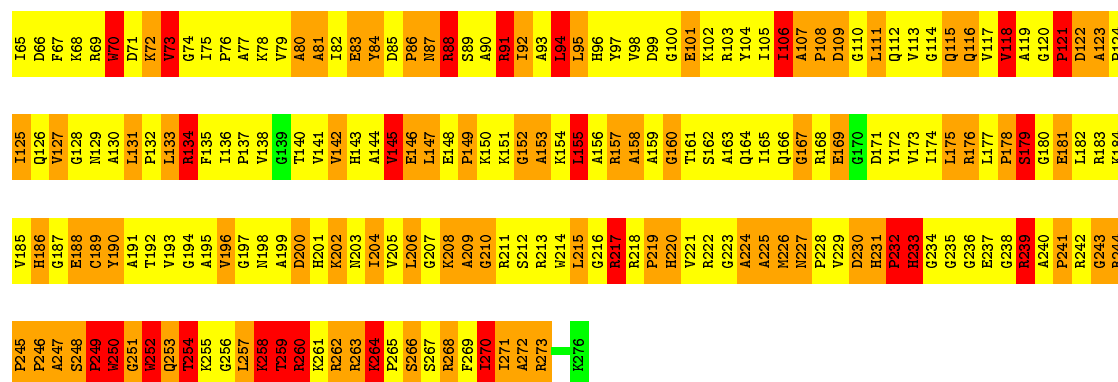
Chain AC:  7% 71% 19%

P1	V62	A122	P182
G4	S63	V123	E183
K5	L64	K184	K184
R6	P65	S125	L185
Y7	H66	K126	A186
R8	G67	L127	A187
A9	L68	G128	N188
G69	A129	A129	I189
L10	K70	I130	R190
L11	Q71	L131	F191
E12	V72	G132	F192
K13	R73	P133	I193
V14	V74	K134	R194
D15	L75	G135	A195
A76	A76	L136	L196
I77	I77	L137	E197
K18	A78	P138	A198
I19	K79	N139	H199
Y20	G80	P140	K200
T21	E81	K141	P201
L22	K82	A142	E202
D23	I83	G143	G203
E24	R84	T144	A204
A25	E85	V145	K205
G86	A86	G146	G206
E26	E87	F147	T207
H27	E88	N148	F208
L28	A89	I149	L209
V29	G90	G150	R210
K30	E91	E151	S211
E31	G92	I152	V212
L32	D92	Y93	Y213
A33	Y94	A154	V214
T34	A35	E155	T215
C35	G96	I156	T216
K36	E97	K157	T217
F37	D38	A158	M218
U35	E39	G159	G219
C36	T40	R160	P220
G96	V41	I161	S221
G97	E42	K162	V222
A98	V43	F163	R223
A99	L104	R164	I224
G100	A44	D105	N225
A101	A45	G106	P226
G102	K46	D166	H227
U103	L47	K167	E228
A104	I48	T168	
G105	D109	G169	
G106	F110	A170	
U107	D111	I171	
P51	A12	H172	
A52	R53	A173	
S54	V113	P174	
D55	V114	V175	
G56	A115	T116	
N57	G56	K177	
V58	P117	D118	
R59	D119	S179	
G60	M120	F180	
T61	G121	P181	

• Molecule 4: 50S ribosomal protein L2

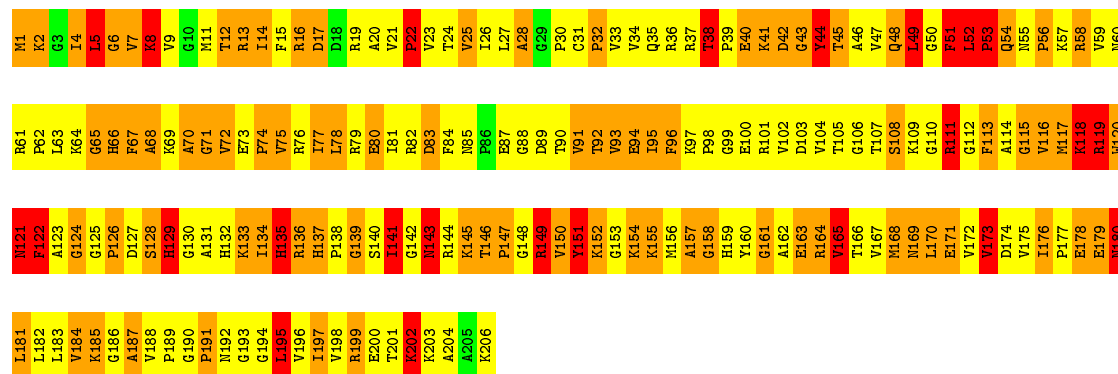
Chain AD:  52% 35% 11%

K5	F6	K7	P8	Y9	T10	P11	S12	R13	F15	M16	T17	V18	A19	D20	F21	S22	E23	I24	T25	K26	T27	E28	P29	E30	R31	S32	L33	V34	K35	P36	L37	K38	K39	T40	G41	G42	R43	N44	N45	Q46	G47	R48	I49	T50	V51	R52	F53	R54	G55	G56	G57	H58	K59	R60	L61	Y62	R63	I64
----	----	----	----	----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----	-----



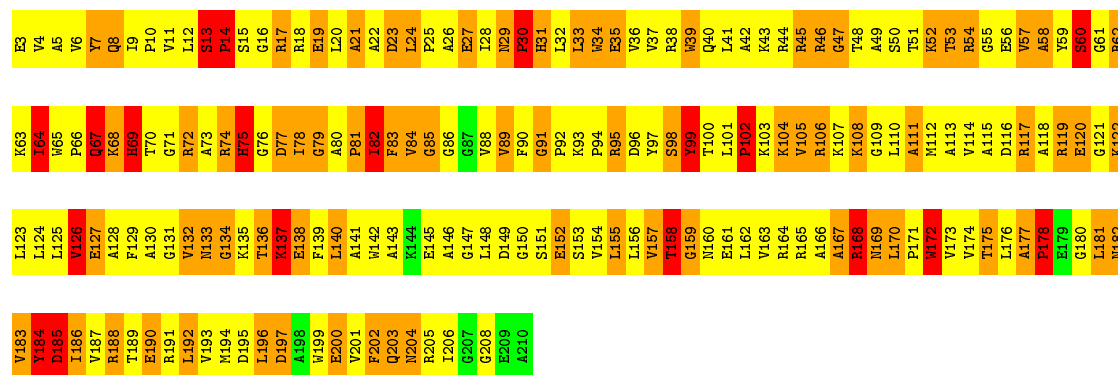
### • Molecule 5: 50S ribosomal protein L3

Chain AE: 46% 39% 12%



### • Molecule 6: 50S ribosomal protein L4

Chain AF: 51% 36% 9%



### • Molecule 7: 50S ribosomal protein L5

Chain AG: 54% 36% 9%





V62 T63 T64 T65 T66 T67 T68 T69 T70 T71 T72 T73 T74 T75 T76 T77 T78 T79 T80 T81 T82 T83 T84 T85 T86 T87 T88 T89 T90 T91 T92 T93 T94 T95 T96 T97 T98 T99 E100 E101 E102 E103 E104 E105 E106 E107 E108 E109 E110 E111 E112 E113 E114 E115 E116 E117 E118 E119 E120 E121

V122 Y123 G124 G125 P126 D127 H128 P129 H130 Q131 A132 Q133 R134 P135 E136 L137 L138 E139 V140

- Molecule 12: 50S ribosomal protein L14

Chain AL:  46% 43% 11%

H1 I2 Q3 P4 Q5 T6 T7 L8 E9 V10 A11 D12 T13 T14 G15 G16 A17 R18 R19 R20 R21 R22 R23 R24 R25 R26 R27 R28 R29 R30 R31 R32 R33 R34 R35 R36 R37 R38 R39 R40 R41 R42 R43 R44 R45 R46 R47 R48 R49 R50 R51 R52 R53 R54 R55 R56 R57 R58 R59 R60 R61 R62 R63 R64 R65 R66 R67 R68 R69 R70 R71 R72 R73 R74 R75 R76 R77 R78 R79 R80 R81 R82 R83 R84 R85 R86 R87 R88 R89 R90 R91 R92 R93 R94 R95 R96 R97 R98 R99 E100 E101 E102 E103 E104 E105 E106 E107 E108 E109 E110 E111 E112 E113 E114 E115 E116 E117 E118 E119 E120 E121

V61 V62 V63 R64 T65 T66 T67 T68 T69 T70 T71 T72 T73 T74 T75 T76 T77 T78 T79 T80 T81 T82 T83 T84 T85 T86 T87 T88 T89 T90 T91 T92 T93 T94 T95 T96 T97 T98 T99 E100 E101 E102 E103 E104 E105 E106 E107 E108 E109 E110 E111 E112 E113 E114 E115 E116 E117 E118 E119 E120 E121

V121 L122

- Molecule 13: 50S ribosomal protein L15

Chain AM:  6% 39% 46% 9%

L6 R7 P8 N9 G10 G11 A12 A13 A14 A15 A16 A17 A18 A19 A20 A21 A22 A23 A24 A25 A26 A27 A28 A29 A30 A31 A32 A33 A34 A35 A36 A37 A38 A39 A40 A41 A42 A43 A44 A45 A46 A47 A48 A49 A50 A51 A52 A53 A54 A55 A56 A57 A58 A59 A60 A61 A62 A63 A64 A65 A66 A67 A68 A69 A70 A71 A72 A73 A74 A75 A76 A77 A78 A79 A80 A81 A82 A83 A84 A85 A86 A87 A88 A89 A90 A91 A92 A93 A94 A95 A96 A97 A98 A99 E100 E101 E102 E103 E104 E105 E106 E107 E108 E109 E110 E111 E112 E113 E114 E115 E116 E117 E118 E119 E120 E121 E122 E123 E124 E125

G66 R67 G68 G69 Q70 T71 T72 T73 T74 T75 T76 T77 T78 T79 T80 T81 T82 T83 T84 T85 T86 T87 T88 T89 T90 T91 T92 T93 T94 T95 T96 T97 T98 T99 E100 E101 E102 E103 E104 E105 E106 E107 E108 E109 E110 E111 E112 E113 E114 E115 E116 E117 E118 E119 E120 E121 E122 E123 E124 E125

V126 A127 H128 A129 G129 F130 F131 F132 F133 F134 F135 F136 F137 F138 F139 F140 F141 F142 F143 F144 F145 F146 F147 F148 F149 F150

- Molecule 14: 50S ribosomal protein L16


Chain AN:  36% 50% 12%

R6 M7 R8 Y9 R10 K11 Q12 Q13 Q14 G15 G16 L17 L18 K19 G20 A21 T22 T23 T24 T25 T26 T27 T28 T29 T30 T31 T32 T33 T34 T35 T36 T37 T38 T39 T40 T41 T42 T43 T44 T45 T46 T47 T48 T49 T50 T51 T52 T53 T54 T55 T56 T57 T58 T59 T60 T61 T62 T63 T64 T65

I66 R67 I68 F69 P70 D71 K72 P73 Y74 T75 T76 T77 T78 T79 E80 V81 R82 R83 R84 R85 R86 R87 R88 R89 R90 R91 R92 R93 R94 R95 R96 R97 R98 R99 E100 E101 E102 E103 E104 E105 E106 E107 E108 E109 E110 E111 E112 E113 E114 E115 E116 E117 E118 E119 E120 E121 E122 E123 E124 E125

P126 I127 A128 T129 K130 I131 V132 R133 A134 D135 A136 Y137 D138 E139 Q141

- Molecule 15: 50S ribosomal protein L17

Chain AO:  64% 26% 9%

R2 R3 L4 R5 S6 R8 R9 L10 L11 R12 R13 S14 S15 H16 L17 L18 L19 L20 L21 L22 L23 Q24 A25 A26 S27 L28 L29 T30 R31 R32 R33 R34 R35 T36 T37 V38 P39 R40 A41 R42 E43 E44 R45 G46 F47 V48 D49 L50 L51 L52 E53 L54 A55 A56 R57 R58 R59 R60 R61 G62 R63 R64 R65



- Molecule 21: 50S ribosomal protein L23

Chain AU: 



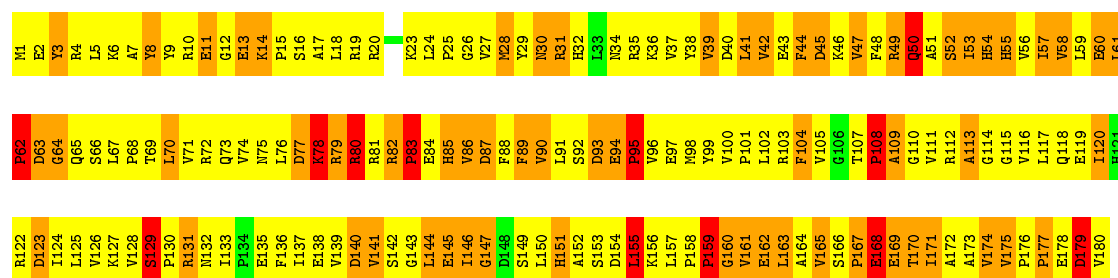
- Molecule 22: 50S ribosomal protein L24

Chain AV: 




- Molecule 23: 50S ribosomal protein L25

Chain AW: 



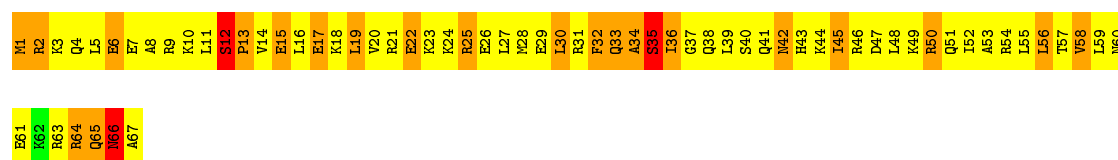
- Molecule 24: 50S ribosomal protein L27

Chain AX: 



- Molecule 25: 50S ribosomal protein L29

Chain AY: 



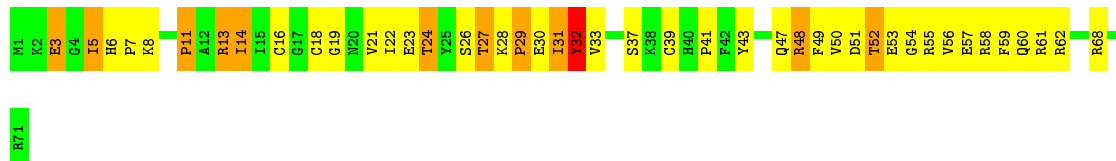
- Molecule 26: 50S ribosomal protein L30

Chain AZ:  5% 46% 44% 5%



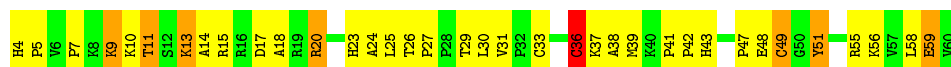
- Molecule 27: 50S ribosomal protein L31

Chain Aa:  38% 45% 15%



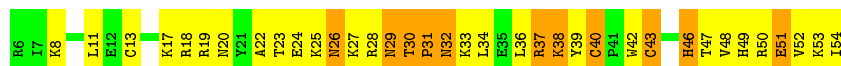
- Molecule 28: 50S ribosomal protein L32

Chain Ab:  37% 49% 12%



- Molecule 29: 50S ribosomal protein L33

Chain Ac:  27% 51% 22%



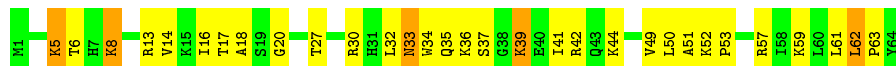
- Molecule 30: 50S ribosomal protein L34

Chain Ad:  53% 37% 10%



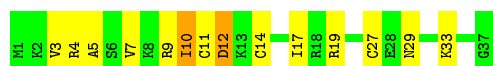
- Molecule 31: 50S ribosomal protein L35

Chain Ae:  52% 41% 8%



- Molecule 32: 50S ribosomal protein L36

Chain Af:  62% 32% 5%



- Molecule 33: Unknown peptide

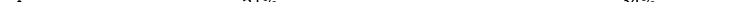
Chain Ag:  100%

There are no outlier residues recorded for this chain.

- Molecule 34: 16S ribosomal RNA

Chain BA:  56% 36% 7%

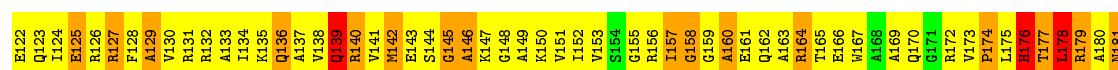
U5	U6	U65	C131	C186E	G251	C311	G371	A431	G503	C563	G623	G683	U743	G803
G6	G66	G66	C132	C186F	U252	C312	C372	A432	G504	C564	G624	A684	C744	U804
A8	G68	G67	U133	C187	U253	A313	A373	U433	G505	U565	G625	G685	C745	C805
G9	G69	G68	A134	U188	G255	A314	A374	U434	G506	G566	U626	U686	A746	C806
A10	G73	G69	C135	U189	G256	A315	U375	C435	G508	G568	G628	G688	C747	A807
G11	G74	G73	C136	G190	G257	G316	G376	U437	G509	C569	G629	C689	C748	C808
U12	C75	C75	C137	G191A	G258	G317	G377	U437	A509	C569	G629	C689	C749	G809
U13	G76	G76	G138	G191B	G259	G318	G378	G438	A510	G570	G630	G690	C750	C810
U14	C77	C77	U139	G191C	G260	G319	C379	A439	A511	U571	G631	G691	U751	C811
G15	G78	G78	A140	U191D	U261	C320	G380	A440	U512	A572	A632	U692	C752	C812
A16	G79	G79	G141	G191E	G262	A321	C381	C442	C513	A573	G633	G693	A753	C813
U17	G80	G80	G142	U191F	A263	C322	A382	C443	G514	A574	G634	A694	C754	A814
C18	G81	G81	G143	G191	G264	U323	A383	C444	G515	G575	G635	A695	C755	A815
C19	U82	U82	G144	U192	U264	G324	G384	G445	U516	G576	U636	A696	C756	A816
U20	U84	U84	G145	C193	G265	A325	C385	G446	G517	G577	G637	U697	C757	C817
G21	U85	U85	G146	C194	G266	G326	C386	G447	C518	C578	G638	G698	C758	C818
G22	U86	U86	G147	A195	C267	A327	U387	A448	C519	U580	G639	C699	A759	A819
G23	A87	A87	G148	A197	C269	C328	U388	C449	A520	U581	A640	G700	C760	U820
U24	C88	C88	C150	A199	A270	A329	A389	G450	G521	G581	U641	C701	C761	G821
C25	U89	U89	C151	G198	C271	G331	C391	A451	A522	U582	A642	A702	C762	C822
U25	C90	C90	A152	G199	C272	G332	G392	A452	C523	A583	C643	G703	C763	G823
G27	C91	C91	C153	G200	A273	G333	A393	C453	G524	G584	G644	A704	C764	C824
G28	G92	G92	G154	C201	G274	C334	A394	C454	C525	G585	G645	U705	C765	G825
C29	U93	U93	C155	U208	A275	C335	G395	C455	G526	C586	U646	A706	C766	C826
U30	G95	G95	G156	U210	C276	C336	G396	C456	G527	G587	C647	C707	C767	U827
G31	G96	G96	C157	G216	C277	G337	A397	C458	C528	G588	A648	C708	C768	A828
A32	U97	U97	G158	C217	G278	A338	C398	G464	G529	C589	G649	G709	C769	G829
A33	C99	C99	A159	C218	A279	C339	G399	C465	G530	C590	G650	C710	C770	G830
C34	A101	A101	G160	C219	C280	U340	C400	C466	U531	U591	C651	A711	C771	C831
G35	G102	G102	A161	C220	G281	C341	C401	G467	A532	G592	U652	A712	C772	C832
C36	C103	C103	A162	C221	A282	C342	C402	G468	A533	G593	A653	G713	C773	C833
U37	G104	G104	C163	C222	C283	U343	C403	G469	U534	G594	G654	C714	C774	C834
G38	C105	C105	U164	U223	G284	A344	U404	G475	A535	C595	A655	A715	C775	U835
G39	C106	C106	C165	C224	G285	C345	U405	G476	G536	C596	G656	C716	C776	G836
C40	G107	G107	G166	C225	G286	G346	G406	G477	G537	C597	G657	A717	C777	G837
G41	G108	G108	G167	C226	U287	G347	G407	A478	U538	U598	U658	C718	C778	G838
G42	A109	A109	G168	C227	A288	C348	A408	C479	A539	C599	U659	C719	C779	U841
C43	C110	C110	C169	G227	G289	G349	G409	U480	G540	C600	G660	C720	C780	C842
G44	G111	G111	U170	U229	C290	G350	G410	U481	G541	C601	G661	G721	C781	U843
G45	G112	G112	A171	G230	G291	A351	A411	A482	G542	A602	G662	A722	C782	C848
U45	G113	G113	C171	G231	C292	C352	A412	C483	C543	U603	A663	G723	C783	C849
G46	U114	U114	U173	G232	G293	A353	G413	G484	G544	G604	G664	G724	C784	U850
C47	G115	G115	C174	C233	U294	G354	A414	G485	C545	U605	A665	G725	C785	G851
G48	A116	A116	C175	C234	C295	C355	A415	U486	G546	G606	G666	C726	C786	G852
U49	G117	G117	C176	C235	U296	A356	G416	U487	A547	A607	G667	G727	C787	G853
A50	U118	U118	C177	G236	G297	A357	C417	C488	G548	A608	G668	A728	C788	G854
G52	A119	A119	C178	G237	A298	U358	C418	C489	C549	A609	U669	A729	C789	G855
A53	A120	A120	A179	G238	G299	U359	C419	G490	U550	G610	G670	G730	C790	C856
C54	C121	C121	U180	G239	A300	A360	U420	G491	U551	A611	G671	G731	C791	C857
A55	G122	G122	G181	G301	G301	G361	U421	G492	U552	C612	U672	C732	C792	G858
U56	C123	C123	U182	C241	G302	G362	U422	G493	A553	C613	G673	A733	C793	A859
G57	G124	G124	A183	A243	A303	A363	G423	G494	C554	A614	G674	G734	C794	A860
C58	U125	U125	G184	U244	U304	A364	G424	U495	C555	C615	A675	C735	C795	G861
A59	G126	G126	A185	C245	G305	U365	G425	A496	C556	G616	A676	C736	C796	C862
G60	G127	G127	C186	A246	G306	C366	G426	U497	C557	G617	U677	A737	C797	U863
G61	G128	G128	C186A	G247	C307	U367	U427	A498	G558	C618	U678	C738	C798	A864
U62	U129	U129	C186B	G248	C308	U368	G428	A499	U559	U619	C679	C739	C799	A865
C63	G129A	G129A	G186C	U249	C309	U369	U429	G500	U560	C620	C680	U740	C800	C866
G64	C186D	C186D	C186C	U249	G310	C370	A430	G502	C562	A622	G682	C742	C802	C868

Chain BF:  51% 34% 12%



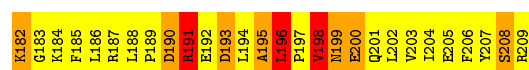
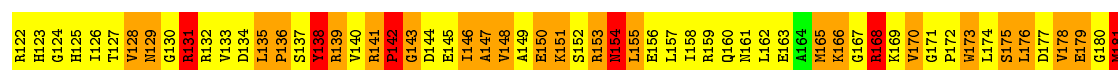
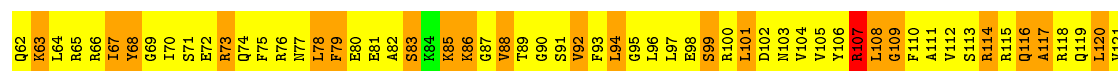
• Molecule 36: 30S ribosomal protein S3

Chain BG: 5% 56% 34%



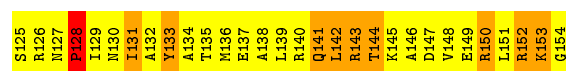
• Molecule 37: 30S ribosomal protein S4

Chain BH: 53% 38% 7%



• Molecule 38: 30S ribosomal protein S5

Chain BI: 63% 33%



• Molecule 39: 30S ribosomal protein S6

Chain BJ: 52% 38% 7%

M1 R2 R3 R4 R5 R6 R7 R8 R9 R10 R11 R12 R13 R14 R15 R16 R17 R18 R19 R20 R21 R22 R23 R24 R25 R26 R27 R28 R29 R30 R31 R32 R33 R34 R35 R36 R37 R38 R39 R40 R41 R42 R43 R44 R45 R46 R47 R48 R49 R50 R51 R52 R53 R54 R55 R56 R57 R58 R59 R60

L61 L62 L63 L64 L65 L66 L67 L68 L69 L70 L71 L72 L73 L74 L75 L76 L77 L78 L79 L80 L81 L82 L83 L84 L85 L86 L87 L88 L89 L90 L91 L92 L93 L94 L95 L96 L97 L98 L99 L100 L101

• Molecule 40: 30S ribosomal protein S7

Chain BK: 5% 59% 29% 8%

A2 A3 A4 A5 A6 A7 A8 A9 A10 A11 A12 A13 A14 A15 A16 A17 A18 A19 A20 A21 A22 A23 A24 A25 A26 A27 A28 A29 A30 A31 A32 A33 A34 A35 A36 A37 A38 A39 A40 A41 A42 A43 A44 A45 A46 A47 A48 A49 A50 A51 A52 A53 A54 A55 A56 A57 A58 A59 A60 A61 A62 A63 A64 A65 A66 A67 A68 A69 A70 A71 A72 A73 A74 A75 A76 A77 A78 A79 A80 A81 A82 A83 A84 A85 A86 A87 A88 A89 A90 A91 A92 A93 A94 A95 A96 A97 A98 A99 A100 A101

Q64 A65 A66 A67 A68 A69 A70 A71 A72 A73 A74 A75 A76 A77 A78 A79 A80 A81 A82 A83 A84 A85 A86 A87 A88 A89 A90 A91 A92 A93 A94 A95 A96 A97 A98 A99 A100 A101 A102 A103 A104 A105 A106 A107 A108 A109 A110 A111 A112 A113 A114 A115 A116 A117 A118 A119 A120 A121 A122 A123 A124 A125 A126 A127 A128 A129 A130 A131 A132 A133 A134 A135 A136 A137 A138 A139 A140 A141 A142 A143 A144 A145 A146 A147 A148 A149 A150 A151 A152 A153 A154 A155 A156

• Molecule 41: 30S ribosomal protein S8

Chain BL: 56% 34% 8%

M1 L2 L3 L4 L5 L6 L7 L8 L9 L10 L11 L12 L13 L14 L15 L16 L17 L18 L19 L20 L21 L22 L23 L24 L25 L26 L27 L28 L29 L30 L31 L32 L33 L34 L35 L36 L37 L38 L39 L40 L41 L42 L43 L44 L45 L46 L47 L48 L49 L50 L51 L52 L53 L54 L55 L56 L57 L58 L59 L60

V61 V62 V63 V64 V65 V66 V67 V68 V69 V70 V71 V72 V73 V74 V75 V76 V77 V78 V79 V80 V81 V82 V83 V84 V85 V86 V87 V88 V89 V90 V91 V92 V93 V94 V95 V96 V97 V98 V99 V100 V101 V102 V103 V104 V105 V106 V107 V108 V109 V110 V111 V112 V113 V114 V115 V116 V117 V118 V119 V120

D121 D122 D123 D124 D125 D126 D127 D128 D129 D130 D131 D132 D133 D134 D135 D136 D137 D138 D139 D140 D141 D142 D143 D144 D145 D146 D147 D148 D149 D150 D151 D152 D153 D154 D155 D156 D157 D158 D159 D160 D161 D162 D163 D164 D165 D166 D167 D168 D169 D170 D171 D172 D173 D174 D175 D176 D177 D178 D179 D180 D181 D182 D183 D184 D185 D186 D187 D188 D189 D190 D191 D192 D193 D194 D195 D196 D197 D198 D199 D200 D201 D202 D203 D204 D205 D206 D207 D208 D209 D210 D211 D212 D213 D214 D215 D216 D217 D218 D219 D220 D221 D222 D223 D224 D225 D226 D227 D228 D229 D230 D231 D232 D233 D234 D235 D236 D237 D238 D239 D240 D241 D242 D243 D244 D245 D246 D247 D248 D249 D250 D251 D252 D253 D254 D255 D256 D257 D258 D259 D260 D261 D262 D263 D264 D265 D266 D267 D268 D269 D270 D271 D272 D273 D274 D275 D276 D277 D278 D279 D280 D281 D282 D283 D284 D285 D286 D287 D288 D289 D290 D291 D292 D293 D294 D295 D296 D297 D298 D299 D300 D301 D302 D303 D304 D305 D306 D307 D308 D309 D310 D311 D312 D313 D314 D315 D316 D317 D318 D319 D320 D321 D322 D323 D324 D325 D326 D327 D328 D329 D330 D331 D332 D333 D334 D335 D336 D337 D338 D339 D340 D341 D342 D343 D344 D345 D346 D347 D348 D349 D350 D351 D352 D353 D354 D355 D356 D357 D358 D359 D360 D361 D362 D363 D364 D365 D366 D367 D368 D369 D370 D371 D372 D373 D374 D375 D376 D377 D378 D379 D380 D381 D382 D383 D384 D385 D386 D387 D388 D389 D390 D391 D392 D393 D394 D395 D396 D397 D398 D399 D400 D401 D402 D403 D404 D405 D406 D407 D408 D409 D410 D411 D412 D413 D414 D415 D416 D417 D418 D419 D420 D421 D422 D423 D424 D425 D426 D427 D428 D429 D430 D431 D432 D433 D434 D435 D436 D437 D438 D439 D440 D441 D442 D443 D444 D445 D446 D447 D448 D449 D450 D451 D452 D453 D454 D455 D456 D457 D458 D459 D460 D461 D462 D463 D464 D465 D466 D467 D468 D469 D470 D471 D472 D473 D474 D475 D476 D477 D478 D479 D480 D481 D482 D483 D484 D485 D486 D487 D488 D489 D490 D491 D492 D493 D494 D495 D496 D497 D498 D499 D500 D501 D502 D503 D504 D505 D506 D507 D508 D509 D510 D511 D512 D513 D514 D515 D516 D517 D518 D519 D520 D521 D522 D523 D524 D525 D526 D527 D528 D529 D530 D531 D532 D533 D534 D535 D536 D537 D538 D539 D540 D541 D542 D543 D544 D545 D546 D547 D548 D549 D550 D551 D552 D553 D554 D555 D556 D557 D558 D559 D560 D561 D562 D563 D564 D565 D566 D567 D568 D569 D570 D571 D572 D573 D574 D575 D576 D577 D578 D579 D580 D581 D582 D583 D584 D585 D586 D587 D588 D589 D590 D591 D592 D593 D594 D595 D596 D597 D598 D599 D600 D601 D602 D603 D604 D605 D606 D607 D608 D609 D610 D611 D612 D613 D614 D615 D616 D617 D618 D619 D620 D621 D622 D623 D624 D625 D626 D627 D628 D629 D630 D631 D632 D633 D634 D635 D636 D637 D638 D639 D640 D641 D642 D643 D644 D645 D646 D647 D648 D649 D650 D651 D652 D653 D654 D655 D656 D657 D658 D659 D660 D661 D662 D663 D664 D665 D666 D667 D668 D669 D670 D671 D672 D673 D674 D675 D676 D677 D678 D679 D680 D681 D682 D683 D684 D685 D686 D687 D688 D689 D690 D691 D692 D693 D694 D695 D696 D697 D698 D699 D700 D701 D702 D703 D704 D705 D706 D707 D708 D709 D710 D711 D712 D713 D714 D715 D716 D717 D718 D719 D720 D721 D722 D723 D724 D725 D726 D727 D728 D729 D730 D731 D732 D733 D734 D735 D736 D737 D738 D739 D740 D741 D742 D743 D744 D745 D746 D747 D748 D749 D750 D751 D752 D753 D754 D755 D756 D757 D758 D759 D760 D761 D762 D763 D764 D765 D766 D767 D768 D769 D770 D771 D772 D773 D774 D775 D776 D777 D778 D779 D780 D781 D782 D783 D784 D785 D786 D787 D788 D789 D790 D791 D792 D793 D794 D795 D796 D797 D798 D799 D800 D801 D802 D803 D804 D805 D806 D807 D808 D809 D810 D811 D812 D813 D814 D815 D816 D817 D818 D819 D820 D821 D822 D823 D824 D825 D826 D827 D828 D829 D830 D831 D832 D833 D834 D835 D836 D837 D838 D839 D840 D841 D842 D843 D844 D845 D846 D847 D848 D849 D850 D851 D852 D853 D854 D855 D856 D857 D858 D859 D860 D861 D862 D863 D864 D865 D866 D867 D868 D869 D870 D871 D872 D873 D874 D875 D876 D877 D878 D879 D880 D881 D882 D883 D884 D885 D886 D887 D888 D889 D890 D891 D892 D893 D894 D895 D896 D897 D898 D899 D900 D901 D902 D903 D904 D905 D906 D907 D908 D909 D910 D911 D912 D913 D914 D915 D916 D917 D918 D919 D920 D921 D922 D923 D924 D925 D926 D927 D928 D929 D930 D931 D932 D933 D934 D935 D936 D937 D938 D939 D940 D941 D942 D943 D944 D945 D946 D947 D948 D949 D950 D951 D952 D953 D954 D955 D956 D957 D958 D959 D960 D961 D962 D963 D964 D965 D966 D967 D968 D969 D970 D971 D972 D973 D974 D975 D976 D977 D978 D979 D980 D981 D982 D983 D984 D985 D986 D987 D988 D989 D990 D991 D992 D993 D994 D995 D996 D997 D998 D999 D1000 D1001 D1002 D1003 D1004 D1005 D1006 D1007 D1008 D1009 D1010 D1011 D1012 D1013 D1014 D1015 D1016 D1017 D1018 D1019 D1020 D1021 D1022 D1023 D1024 D1025 D1026 D1027 D1028 D1029 D1030 D1031 D1032 D1033 D1034 D1035 D1036 D1037 D1038 D1039 D1040 D1041 D1042 D1043 D1044 D1045 D1046 D1047 D1048 D1049 D1050 D1051 D1052 D1053 D1054 D1055 D1056 D1057 D1058 D1059 D1060 D1061 D1062 D1063 D1064 D1065 D1066 D1067 D1068 D1069 D1070 D1071 D1072 D1073 D1074 D1075 D1076 D1077 D1078 D1079 D1080 D1081 D1082 D1083 D1084 D1085 D1086 D1087 D1088 D1089 D1090 D1091 D1092 D1093 D1094 D1095 D1096 D1097 D1098 D1099 D1100 D1101 D1102 D1103 D1104 D1105 D1106 D1107 D1108 D1109 D1110 D1111 D1112 D1113 D1114 D1115 D1116 D1117 D1118 D1119 D1120 D1121 D1122 D1123 D1124 D1125 D1126 D1127 D1128 D1129 D1130 D1131 D1132 D1133 D1134 D1135 D1136 D1137 D1138 D1139 D1140 D1141 D1142 D1143 D1144 D1145 D1146 D1147 D1148 D1149 D1150 D1151 D1152 D1153 D1154 D1155 D1156 D1157 D1158 D1159 D1160 D1161 D1162 D1163 D1164 D1165 D1166 D1167 D1168 D1169 D1170 D1171 D1172 D1173 D1174 D1175 D1176 D1177 D1178 D1179 D1180 D1181 D1182 D1183 D1184 D1185 D1186 D1187 D1188 D1189 D1190 D1191 D1192 D1193 D1194 D1195 D1196 D1197 D1198 D1199 D1200 D1201 D1202 D1203 D1204 D1205 D1206 D1207 D1208 D1209 D1210 D1211 D1212 D1213 D1214 D1215 D1216 D1217 D1218 D1219 D1220 D1221 D1222 D1223 D1224 D1225 D1226 D1227 D1228 D1229 D1230 D1231 D1232 D1233 D1234 D1235 D1236 D1237 D1238 D1239 D1240 D1241 D1242 D1243 D1244 D1245 D1246 D1247 D1248 D1249 D1250 D1251 D1252 D1253 D1254 D1255 D1256 D1257 D1258 D1259 D1260 D1261 D1262 D1263 D1264 D1265 D1266 D1267 D1268 D1269 D1270 D1271 D1272 D1273 D1274 D1275 D1276 D1277 D1278 D1279 D1280 D1281 D1282 D1283 D1284 D1285 D1286 D1287 D1288 D1289 D1290 D1291 D1292 D1293 D1294 D1295 D1296 D1297 D1298 D1299 D1300 D1301 D1302 D1303 D1304 D1305 D1306 D1307 D1308 D1309 D1310 D1311 D1312 D1313 D1314 D1315 D1316 D1317 D1318 D1319 D1320 D1321 D1322 D1323 D1324 D1325 D1326 D1327 D1328 D1329 D1330 D1331 D1332 D1333 D1334 D1335 D1336 D1337 D1338 D1339 D1340 D1341 D1342 D1343 D1344 D1345 D1346 D1347 D1348 D1349 D1350 D1351 D1352 D1353 D1354 D1355 D1356 D1357 D1358 D1359 D1360 D1361 D1362 D1363 D1364 D1365 D1366 D1367 D1368 D1369 D1370 D1371 D1372 D1373 D1374 D1375 D1376 D1377 D1378 D1379 D1380 D1381 D1382 D1383 D1384 D1385 D1386 D1387 D1388 D1389 D1390 D1391 D1392 D1393 D1394 D1395 D1396 D1397 D1398 D1399 D1400 D1401 D1402 D1403 D1404 D1405 D1406 D1407 D1408 D1409 D1410 D1411 D1412 D1413 D1414 D1415 D1416 D1417 D1418 D1419 D1420 D1421 D1422 D1423 D1424 D1425 D1426 D1427 D1428 D1429 D1430 D1431 D1432 D1433 D1434 D1435 D1436 D1437 D1438 D1439 D1440 D1441 D1442 D1443 D1444 D1445 D1446 D1447 D1448 D1449 D1450 D1451 D1452 D1453 D1454 D1455 D1456 D1457 D1458 D1459 D1460 D1461 D1462 D1463 D1464 D1465 D1466 D1467 D1468 D1469 D1470 D1471 D1472 D1473 D1474 D1475 D1476 D1477 D1478 D1479 D1480 D1481 D1482 D1483 D1484 D1485 D1486 D1487 D1488 D1489 D1490 D1491 D1492 D1493 D1494 D1495 D1496 D1497 D1498 D1499 D1500 D1501 D1502 D1503 D1504 D1505 D1506 D1507 D1508 D1509 D1510 D1511 D1512 D1513 D1514 D1515 D1516 D1517 D1518 D1519 D1520 D1521 D1522 D1523 D1524 D1525 D1526 D1527 D1528 D1529 D1530 D1531 D1532 D1533 D1534 D1535 D1536 D1537 D1538 D1539 D1540 D1541 D1542 D1543 D1544 D1545 D1546 D1547 D1548 D1549 D1550 D1551 D1552 D1553 D1554 D1555 D1556 D1557 D1558 D1559 D1560 D1561 D1562 D1563 D1564 D1565 D1566 D1567 D1568 D1569 D1570 D1571 D1572 D1573 D1574 D1575 D1576 D1577 D1578 D1579 D1580 D1581 D1582 D1583 D1584 D1585 D1586 D1587 D1588 D1589 D1590 D1591 D1592 D1593 D1594 D1595 D1596 D1597 D1598 D1599 D1600 D1601 D1602 D1603 D1604 D1605 D1606 D1607 D1608 D1609 D1610 D1611 D1612 D1613 D1614 D1615 D1616 D1617 D1618 D1619 D1620 D1621 D1622 D1623 D1624 D1625 D1626 D1627 D1628 D1629 D1630 D1631 D1632 D1633 D1634 D1635 D1636 D1637 D1638 D1639 D1640 D1641 D1642 D1643 D1644 D1645 D1646 D1647 D1648 D1649 D1650 D1651 D1652 D1653 D1654 D1655 D1656 D1657 D1658 D1659 D1660 D1661 D1662 D1663 D1664 D1665 D1666 D1667 D1668 D1669 D1670 D1671 D1672 D1673 D1674 D1675 D1676 D1677 D1678 D1679 D1680 D1681 D1682 D1683 D1684 D1685 D1686 D1687 D1688 D1689 D1690 D1691 D1692 D1693 D1694 D1695 D1696 D1697 D1698 D1699 D1700 D1701 D1702 D1703 D1704 D1705 D1706 D1707 D1708 D1709 D1710 D1711 D1712 D1713 D1714 D1715 D1716 D1717 D1718 D1719 D1720 D1721 D1722 D1723 D1724 D1725 D1726 D1727 D1728 D1729 D1730 D1731 D1732 D1733 D1734 D1735 D1736 D1737 D1738 D1739 D1740 D1741 D1742 D1743 D1744 D1745 D1746 D1747 D1748 D1749 D1750 D1751 D1752 D1753 D1754 D1755 D1756 D1757 D1758 D1759 D1760 D1761 D1762 D1763 D1764 D1765 D1766 D1767 D1768 D1769 D1770 D1771 D1772 D1773 D1774 D1775 D1776 D1777 D1778 D1779 D1780 D1781 D1782 D1783 D1784 D1785 D1786 D1787 D1788 D1789 D1790 D1791 D1792 D1793 D1794 D1795 D1796 D1797 D1798 D1799 D1800 D1801 D1802 D1803 D1804 D1805 D1806 D1807 D1808 D1809 D1810 D1811 D1812 D1813 D1814 D1815 D1816 D1817 D1818 D1819 D1820 D1821 D1822 D1823 D1824 D1825 D1826 D1827 D1828 D1829 D1830 D1831 D1832 D1833 D1834 D1835 D1836 D1837 D1838 D1839 D1840 D1841 D1842 D1843 D1844 D1845 D1846 D1847 D1848 D1849 D1850 D1851 D1852 D1853 D1854 D1855 D1856 D1857 D1858 D1859 D1860 D1861 D1862 D1863 D1864 D1865 D1866 D1867 D1868 D1869 D1870 D1871 D1872 D1873 D1874 D1875 D1876 D1877 D1878 D1879 D1880 D1881 D1882 D1883 D1884 D1885 D1886 D1887 D1888 D1889 D1890 D1891 D1892 D1893 D1894 D1895 D1896 D1897 D1898 D1899 D1900 D1901 D1902 D1903 D1904 D1905 D1906 D1907 D1908 D1909 D1910 D1911 D1912 D1913 D1914 D1915 D1916 D1917 D1918 D1919 D1920 D1921 D1922 D1923 D1924 D1925 D1926 D1927 D1928 D1929 D1930 D1931 D1932 D1933 D1934 D1935 D1936 D1937 D1938 D1939 D1940 D1941 D1942 D1943 D1944 D1945 D1946 D1947 D1948 D1949 D1950 D1951 D1952 D1953 D1954 D1955 D1956 D1957 D1958 D1959 D1960 D1961 D1962 D1963 D1964 D1965 D1966 D1967 D1968 D1969 D1970 D1971 D1972 D1973 D1974 D1975 D1976 D1977 D1978 D1979 D1980 D1981 D1982 D1983 D1984 D1985 D1986 D1987 D1988 D1989 D1990 D1991 D1992 D1993 D1994 D1995 D1996 D1997 D1998 D1999 D2000 D2001 D2002 D2003 D2004 D2005 D2006 D2007 D2008 D2009 D2010 D2011 D2012 D2013 D2014 D2015 D2016 D2017 D2018 D2019 D2020 D2021 D2022 D2023 D2024 D2025 D2026 D2027 D2028 D2029 D2030 D2031 D2032 D2033 D2034 D2035 D2036 D2037 D2038 D2039 D2040 D2041 D2042 D2043 D2044 D2045 D2046 D2047 D2048 D2049 D2050 D2051 D2052 D2053 D2054 D2055 D2056 D2057 D2058 D2059 D2060 D2061 D2062 D2063 D2064 D2065 D2066 D2067 D2068 D2069 D2070 D2071 D2072 D2073 D2074 D2075 D2076 D2077 D2078 D2079 D2080 D2081 D2082 D2083 D2084 D2085 D2086 D2087 D2088 D2089 D2090 D2091 D2092 D2093 D2094 D2095 D2096 D2097 D2098 D2099 D2100 D2101 D2102 D2103 D2104 D2105 D2106 D2107 D2108 D2109 D2110 D2111 D2112 D2113 D2114 D2115 D2116 D2117 D2118 D2119 D2120 D2121 D2122 D2123 D2124 D2125 D2126 D2127 D2128 D2129 D2130 D2131 D2132 D2133 D2134 D2135 D2136 D2137 D2138 D2139 D2140 D2141 D2142 D2143 D2144 D2145 D2146 D2147 D2148 D2149 D2150 D2151 D2152 D2153 D2154 D2155 D2156 D2157 D2158 D2159 D2160 D2161 D2162 D2163 D2164 D2165 D2166 D2167 D2168 D2169 D2170 D2171 D2172 D2173 D2174 D2175 D2176 D2177 D2178 D2179 D2180 D2181 D2182 D2183 D2184 D2185 D2186 D2187 D2188 D2189 D2190 D2191 D2192 D2193 D2194 D2195 D2196 D2197 D2198 D2199 D2200 D2201 D2202 D2203 D2204 D2205 D2206 D2207 D2208 D2209 D2210 D2211 D2212 D2213 D2214 D2215 D2216 D2217 D2218 D2219 D2220 D2221 D2222 D2223 D2224 D2225 D2226 D2227 D2228 D2229 D2230 D2231 D2232 D2233 D2234 D2235 D2236 D2237 D2238 D2239 D2240 D2241 D2242 D2243 D2244 D2245 D2246 D2247 D2248 D2249 D2250 D2251 D2252 D2253 D2254 D2255 D2256 D2257 D2258 D2259 D2260 D2261 D2262 D2263 D2264 D2265 D2266 D2267 D2268 D2269 D2270 D2271 D2272 D2273 D2274 D2275 D2276 D2277 D2278 D2279 D2280 D2281 D2282 D2283 D2284 D2285 D2286 D2287 D2288 D2289 D2290 D2291 D2292 D2293 D2294 D2295 D2296 D2297 D2298 D2299 D2300 D2301 D2302 D2303 D2304 D2305 D2306 D2307 D2308 D2309 D2310 D2311 D2312 D2313 D2314 D2315 D2316 D2317 D2318 D2319 D2320 D2321 D2322 D2323 D2324 D2325 D2326 D2327 D2328 D2329 D2330 D2331 D2332 D2333 D2334 D2335 D2336 D2337 D2338 D2339 D2340 D2341 D2342 D2343 D2344 D2345 D2346 D2347 D2348 D2349 D2350 D2351 D2352 D2353 D2354 D2355 D2356 D2357 D2358 D2359 D2360 D2361 D2362 D2363 D2364 D2365 D2366 D2367 D2368 D2369 D2370 D2371 D2372 D2373 D2374 D2375 D2376 D2377 D2378 D2379 D2380 D2381 D2382 D2383 D2384 D2385 D2386 D2387 D2388 D2389 D2390 D2391 D2392 D2393 D2394 D2395 D2396 D2397 D2398 D2399 D2400 D2401 D2402 D24



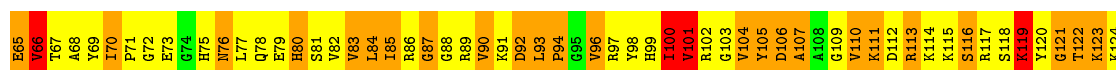
• Molecule 44: 30S ribosomal protein S11

Chain BO: . 69% 24% 5%



• Molecule 45: 30S ribosomal protein S12

Chain BP: . 50% 39% 7%



• Molecule 46: 30S ribosomal protein S13

Chain BQ: 10% 60% 24% 7%



• Molecule 47: 30S ribosomal protein S14 type Z

Chain BR: 5% 55% 28% 12%



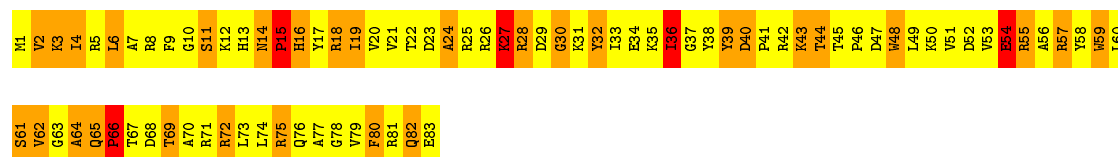
• Molecule 48: 30S ribosomal protein S15

Chain BS: . 66% 30% 4%



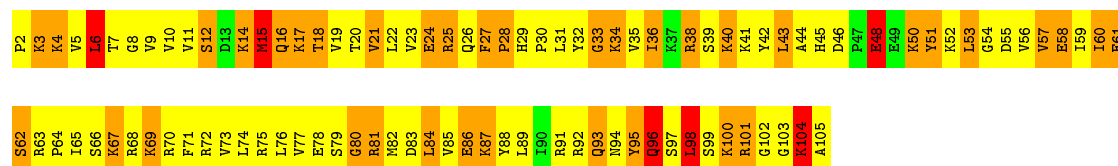
- Molecule 49: 30S ribosomal protein S16

Chain BT: 



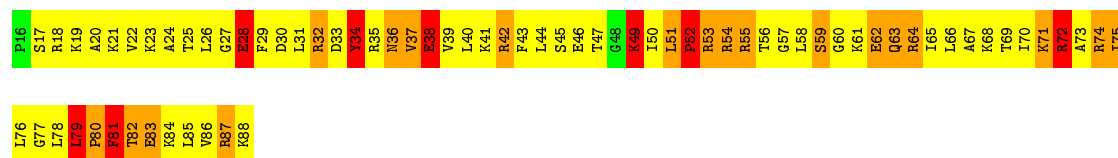
- Molecule 50: 30S ribosomal protein S17

Chain BU: 5% 54% 36% 6%

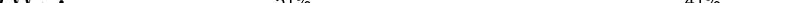


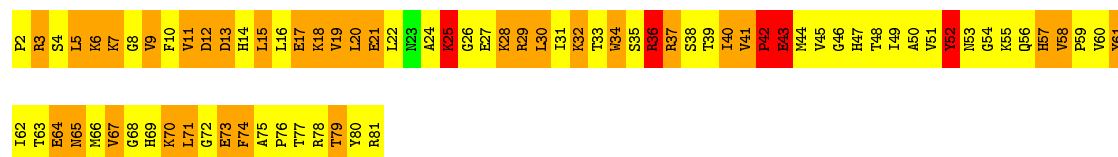
- Molecule 51: 30S ribosomal protein S18

Chain BV:  60% 26% 11%



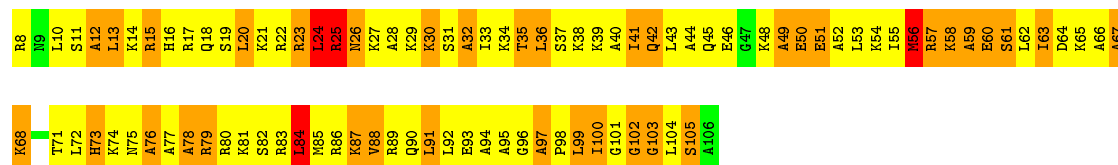
- Molecule 52: 30S ribosomal protein S19

Chain BW: 




- Molecule 53: 30S ribosomal protein S20

Chain BX:  5% 55% 36% .



- Molecule 54: 30S ribosomal protein Thx

Chain BY:  8% 63% 21% 8%

G2  
K3  
G4  
D5  
R6  
R7  
T8  
R9  
R10  
G11  
K12  
I13  
W14  
R15  
G16  
Y18  
G19  
K20  
Y21  
R22  
P23  
R24  
K25

• Molecule 55: BipA

Chain CA: 11% 55% 28% 5%

M1  
I2  
E3  
K4  
L5  
R6  
N7  
I8  
A9  
I10  
I11  
A12  
H13  
V14  
D15  
H16  
T17  
G17  
K18  
T19  
T20  
T21  
R22  
P23  
R24  
K25

A63  
A64  
R65  
R66  
D67  
R68  
R69  
I70  
N71  
I72  
V73  
W74  
D75  
T76  
G77  
H78  
A79  
D80  
F81  
G82  
G83  
E84  
W85  
R86  
R87  
R88  
R89  
N90  
R91  
V92  
D93  
S94  
N95  
E96  
L97  
V98  
V99  
D100  
A101  
F102  
D103  
G104  
P105  
R106  
P107  
Q108  
T109  
R110  
F111  
F112  
T113  
K114  
K115  
A116  
F117  
D118  
Y119  
G120  
L121  
E122  
K123

P123  
I124  
V125  
V126  
I127  
N128  
K129  
V130  
D131  
R132  
P133  
W134  
D135  
A136  
P137  
G138  
H139  
A140  
V141  
D142  
Q143  
V144  
W145  
F146  
D147  
F148  
N149  
M150  
S151  
L152  
D153  
A154  
T155  
D156  
E157  
Q158  
L159  
F160  
A161  
I162  
V163  
Y164  
A165  
S166  
A167  
L168  
N169  
G170  
I171  
D172  
G173  
L174  
D175  
H176  
D177  
D178  
H179  
A180  
E181  
D182

M183  
T184  
P185  
L186  
Q187  
Q188  
A189  
I190  
V191  
V194  
P195  
A196  
P197  
D198  
V199  
L200  
L201  
D202  
G203  
P204  
F205  
Q206  
N207  
Q208  
T209  
S210  
Q211  
L212  
D213  
Y214  
N215  
S216  
Y217  
V218  
G219  
V220  
I221  
G222  
I223  
G224  
R225  
I226  
T227  
R228  
G229  
R230  
V231  
R232  
P233  
N234  
Q235  
Q236  
V237  
T238  
T239  
I240  
D241  
S242  
E243

G244  
R245  
R246  
L247  
N248  
A249  
K250  
V251  
G252  
R253  
V254  
L255  
L258  
G259  
E260  
E261  
R262  
T265  
D266  
L267  
A268  
E269  
A270  
G271  
D272  
L273  
V274  
A275  
I276  
T277  
E281  
L282  
N283  
I284  
S285  
D286  
T287  
V288  
C289  
D290  
T291  
Q292  
N293  
V294  
E295  
A296  
L297  
P298  
A299  
L300  
S301  
V302  
D303  
E304  
P305  
T306  
V307  
S308

K309  
F310  
F311  
C312  
V313  
N314  
T315  
S316  
P317  
F318  
C319  
G320  
R321  
E322  
G323  
K324  
F325  
V326  
T327  
S328  
L329  
V330  
N331  
L332  
D333  
E338  
L339  
V340  
H341  
N342  
V343  
A344  
L345  
R346  
E351  
D352  
A353  
D354  
A355  
F356  
R357  
V358  
S359  
G360  
R361  
D362  
E363  
L364  
H365  
L366  
S367  
V368  
D369  
L369  
I370  
M373  
R374  
V375

G377  
F378  
E379  
L380  
A381  
V382  
S383  
R384  
P385  
K386  
V387  
I388  
F389  
R390  
E391  
L392  
D393  
G394  
R395  
K396  
Q397  
E398  
S399  
Y400  
E401  
N402  
V403  
T404  
L405  
D406  
Y407  
E408  
A409  
Q410  
H411  
Q412  
G413  
S414  
V415  
N416  
Q417  
A418  
L419  
R422  
K423  
G424  
D425  
L426  
K427  
N428  
M429  
N430  
P431  
D432  
G433  
K434  
G435  
R436  
V437

R438  
L439  
D440  
Y441  
V442  
I443  
P444  
S445  
R446  
G447  
L448  
I449  
G450  
F451  
R452  
S453  
E454  
F455  
M456  
T457  
M458  
T459  
S460  
G461  
T462  
G463  
L464  
L465  
V466  
S467  
T468  
F469  
S470  
H471  
Y472  
D473  
D474  
V475  
R476  
P477  
V480  
G481  
Q482  
R483  
Q484  
N485  
G486  
V487  
L488  
I489  
S490  
N491  
G492  
Q493  
G494  
K495  
A496  
V497

A500  
L501  
P502  
G503  
L504  
Q505  
D506  
R507  
G508  
K509  
L510  
F511  
L512  
G513  
H514  
G515  
A516  
E517  
M518  
Y519  
E520  
G521  
Q522  
S523  
T524  
G525  
I526  
H527  
S528  
R529  
S530  
N531  
D532  
L533  
T534  
V535  
N536  
C537  
L538  
T539  
G540  
K541  
K542  
D543  
E544  
A545  
V546  
P547  
T548  
S549  
N550  
G551  
L552  
L553  
E554  
V555  
P559  
P560  
I561  
T564  
L565  
E566  
Q567  
A568  
L569  
E570  
F571

L572  
D573  
D574  
D575  
E576  
L577  
V578  
E579  
V580  
T581  
P582  
T583  
S584  
L585  
R586  
L587  
R588  
K589  
L592  
T593  
D596  
R597  
R598  
R599  
A600  
N601  
R602  
A603  
P604  
K605

## 4 Experimental information

Property	Value	Source
Reconstruction method	SINGLE PARTICLE	Depositor
Imposed symmetry	POINT, Not provided	Depositor
Number of images	Not provided	Depositor
Resolution determination method	Not provided	Depositor
CTF correction method	CTFFIND3	Depositor
Microscope	OTHER	Depositor
Voltage (kV)	200	Depositor
Electron dose ( $e^-/\text{\AA}^2$ )	Not provided	Depositor
Minimum defocus (nm)	Not provided	Depositor
Maximum defocus (nm)	2.7	Depositor
Magnification	Not provided	Depositor
Image detector	FALCON II	Depositor

## 5 Model quality ⓘ

### 5.1 Standard geometry ⓘ

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

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	$\# Z  > 2$	RMSZ	$\# Z  > 2$
1	AA	1.00	106/69677 (0.2%)	1.08	349/108754 (0.3%)
10	AJ	0.52	0/1012	0.64	8/1373 (0.6%)
11	AK	0.78	1/1140 (0.1%)	1.16	8/1537 (0.5%)
12	AL	0.92	1/942 (0.1%)	1.31	10/1268 (0.8%)
13	AM	0.71	0/1123	1.12	5/1493 (0.3%)
14	AN	0.72	0/1100	1.19	8/1470 (0.5%)
15	AO	0.70	0/974	1.06	2/1302 (0.2%)
16	AP	0.72	0/887	1.06	4/1180 (0.3%)
17	AQ	0.85	0/990	1.31	9/1325 (0.7%)
18	AR	0.76	0/982	1.08	0/1306
19	AS	0.87	1/790 (0.1%)	1.28	9/1057 (0.9%)
2	AB	0.83	4/2954 (0.1%)	0.99	7/4606 (0.2%)
20	AT	0.66	0/886	1.04	1/1189 (0.1%)
21	AU	0.57	0/756	0.93	0/1015
22	AV	0.54	0/857	1.04	2/1142 (0.2%)
23	AW	0.66	0/1467	1.11	7/1992 (0.4%)
24	AX	0.65	0/679	1.04	1/902 (0.1%)
25	AY	0.59	0/569	0.88	0/751
26	AZ	0.59	0/474	1.09	2/635 (0.3%)
27	Aa	0.84	1/594 (0.2%)	1.31	8/795 (1.0%)
28	Ab	0.72	0/459	1.16	3/621 (0.5%)
29	Ac	0.85	1/433 (0.2%)	1.36	5/576 (0.9%)
3	AC	0.54	0/1775	0.86	0/2393
30	Ad	0.73	0/438	1.01	0/575
31	Ae	0.60	0/523	1.14	5/690 (0.7%)
32	Af	0.59	0/310	1.08	1/407 (0.2%)
34	BA	0.92	25/36437 (0.1%)	1.09	139/56865 (0.2%)
35	BF	0.64	0/1935	1.00	4/2609 (0.2%)
36	BG	0.55	0/1636	0.92	4/2205 (0.2%)
37	BH	0.64	1/1733 (0.1%)	0.98	3/2318 (0.1%)
38	BI	0.63	0/1162	1.01	3/1564 (0.2%)
39	BJ	0.60	0/856	0.95	0/1154

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	# Z  >2	RMSZ	# Z  >2
4	AD	0.72	2/2174 (0.1%)	1.19	13/2927 (0.4%)
40	BK	0.57	0/1276	0.90	3/1709 (0.2%)
41	BL	0.62	0/1136	1.01	3/1527 (0.2%)
42	BM	0.54	0/1029	0.83	0/1379
43	BN	0.48	0/807	0.89	1/1085 (0.1%)
44	BO	0.63	0/900	0.98	0/1213
45	BP	0.60	0/986	1.00	3/1320 (0.2%)
46	BQ	0.33	0/924	0.45	2/1238 (0.2%)
47	BR	0.55	0/501	0.97	1/664 (0.2%)
48	BS	0.62	0/745	0.95	0/992
49	BT	0.62	0/716	0.95	2/963 (0.2%)
5	AE	0.75	0/1611	1.16	13/2171 (0.6%)
50	BU	0.68	1/870 (0.1%)	0.99	2/1159 (0.2%)
51	BV	0.59	0/603	1.01	1/799 (0.1%)
52	BW	0.53	1/661 (0.2%)	1.34	5/890 (0.6%)
53	BX	0.65	0/765	1.00	2/1007 (0.2%)
54	BY	0.45	0/212	0.80	0/277
55	CA	0.36	0/4598	0.49	15/6200 (0.2%)
6	AF	0.64	0/1660	1.03	4/2247 (0.2%)
7	AG	0.62	0/1507	1.06	4/2027 (0.2%)
8	AH	0.59	0/1354	0.98	4/1831 (0.2%)
9	AI	0.50	1/751 (0.1%)	0.82	4/1042 (0.4%)
All	All	0.87	146/162336 (0.1%)	1.06	689/241736 (0.3%)

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

Mol	Chain	#Chirality outliers	#Planarity outliers
1	AA	0	430
11	AK	0	1
14	AN	0	1
17	AQ	0	1
19	AS	0	1
2	AB	0	17
27	Aa	0	1
28	Ab	0	1
3	AC	0	1
34	BA	0	170
37	BH	0	1
39	BJ	0	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	#Chirality outliers	#Planarity outliers
44	BO	0	1
47	BR	0	1
5	AE	0	1
55	CA	0	1
6	AF	0	1
9	AI	0	2
All	All	0	633

The worst 5 of 146 bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	AA	1060	U	O3'-P	-80.27	0.64	1.61
34	BA	1317	C	O3'-P	-70.09	0.77	1.61
1	AA	1203	G	O3'-P	-34.69	1.19	1.61
34	BA	1167	A	O3'-P	20.86	1.86	1.61
1	AA	2500	U	C4-O4	18.53	1.38	1.23

The worst 5 of 689 bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
34	BA	1064	G	N1-C2-N2	-71.66	51.71	116.20
34	BA	1064	G	N3-C2-N2	57.69	160.28	119.90
34	BA	1317	C	P-O3'-C3'	-48.76	61.18	119.70
34	BA	1317	C	O3'-P-O5'	30.59	162.12	104.00
1	AA	1060	U	O3'-P-O5'	28.66	158.46	104.00

There are no chirality outliers.

5 of 633 planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	AA	14	A	Sidechain
1	AA	25	U	Sidechain
1	AA	3	U	Sidechain
1	AA	31	C	Sidechain
1	AA	9	U	Sidechain

## 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	AA	62218	0	31272	15887	0
2	AB	2641	0	1337	608	0
3	AC	1742	0	1796	714	0
4	AD	2124	0	2207	1503	0
5	AE	1578	0	1647	1110	0
6	AF	1625	0	1666	824	0
7	AG	1482	0	1546	871	0
8	AH	1328	0	1407	721	0
9	AI	752	0	363	162	0
10	AJ	993	0	1019	732	0
11	AK	1113	0	1183	776	0
12	AL	932	0	994	755	0
13	AM	1106	0	1183	780	0
14	AN	1080	0	1127	737	0
15	AO	960	0	1021	587	0
16	AP	877	0	938	513	0
17	AQ	976	0	1030	671	0
18	AR	964	0	1022	727	0
19	AS	779	0	852	574	0
20	AT	876	0	941	443	0
21	AU	742	0	800	354	0
22	AV	844	0	930	427	0
23	AW	1435	0	1463	729	0
24	AX	670	0	700	350	0
25	AY	567	0	621	306	0
26	AZ	469	0	518	318	0
27	Aa	581	0	577	0	0
28	Ab	445	0	459	0	0
29	Ac	426	0	452	0	0
30	Ad	430	0	480	0	0
31	Ae	515	0	587	0	0
32	Af	307	0	335	0	0
33	Ag	620	0	136	0	0
34	BA	32554	0	16389	7527	0
35	BF	1900	0	1951	1054	0
36	BG	1612	0	1677	714	0
37	BH	1703	0	1763	853	0
38	BI	1146	0	1207	582	0
39	BJ	843	0	857	391	0
40	BK	1257	0	1296	558	0
41	BL	1116	0	1177	720	0
42	BM	1010	0	1035	483	0

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
43	BN	794	0	840	367	0
44	BO	885	0	904	464	0
45	BP	970	0	1057	521	0
46	BQ	914	0	954	646	0
47	BR	492	0	529	278	0
48	BS	734	0	771	368	0
49	BT	700	0	720	362	0
50	BU	857	0	930	461	0
51	BV	597	0	668	367	0
52	BW	647	0	653	524	0
53	BX	763	0	857	409	0
54	BY	208	0	221	89	0
55	CA	4532	0	4424	2444	0
56	AA	42	0	46	23	0
56	BB	42	0	46	15	0
57	CA	32	0	14	39	0
All	All	150547	0	103595	47924	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 197.

The worst 5 of 47924 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)
10:AJ:112:MET:SD	10:AJ:122:ALA:HB2	1.28	1.69
34:BA:1318:A:H2'	52:BW:37:ARG:CB	1.23	1.68
34:BA:1226:C:C4	46:BQ:104:ARG:HG3	1.16	1.67
34:BA:1311:G:C6	34:BA:1327:C:C5	1.80	1.66
55:CA:13:HIS:CD2	55:CA:106:MET:HB2	1.30	1.66

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	AC	226/228 (99%)	155 (69%)	41 (18%)	30 (13%)	0	7
4	AD	270/272 (99%)	125 (46%)	59 (22%)	86 (32%)	0	0
5	AE	204/206 (99%)	117 (57%)	31 (15%)	56 (28%)	0	0
6	AF	206/208 (99%)	109 (53%)	46 (22%)	51 (25%)	0	1
7	AG	180/182 (99%)	79 (44%)	47 (26%)	54 (30%)	0	0
8	AH	172/174 (99%)	80 (46%)	46 (27%)	46 (27%)	0	0
9	AI	151/153 (99%)	89 (59%)	33 (22%)	29 (19%)	0	3
10	AJ	132/134 (98%)	56 (42%)	44 (33%)	32 (24%)	0	1
11	AK	137/139 (99%)	64 (47%)	28 (20%)	45 (33%)	0	0
12	AL	120/122 (98%)	59 (49%)	23 (19%)	38 (32%)	0	0
13	AM	143/145 (99%)	57 (40%)	36 (25%)	50 (35%)	0	0
14	AN	134/136 (98%)	49 (37%)	33 (25%)	52 (39%)	0	0
15	AO	115/117 (98%)	57 (50%)	39 (34%)	19 (16%)	0	5
16	AP	108/110 (98%)	48 (44%)	29 (27%)	31 (29%)	0	0
17	AQ	115/117 (98%)	52 (45%)	26 (23%)	37 (32%)	0	0
18	AR	115/117 (98%)	35 (30%)	50 (44%)	30 (26%)	0	1
19	AS	99/101 (98%)	52 (52%)	19 (19%)	28 (28%)	0	0
20	AT	108/110 (98%)	63 (58%)	24 (22%)	21 (19%)	0	3
21	AU	92/94 (98%)	57 (62%)	16 (17%)	19 (21%)	0	2
22	AV	108/110 (98%)	43 (40%)	32 (30%)	33 (31%)	0	0
23	AW	178/180 (99%)	96 (54%)	43 (24%)	39 (22%)	0	2
24	AX	83/85 (98%)	52 (63%)	21 (25%)	10 (12%)	0	9
25	AY	65/67 (97%)	36 (55%)	20 (31%)	9 (14%)	0	7
26	AZ	57/59 (97%)	34 (60%)	8 (14%)	15 (26%)	0	1
27	Aa	69/71 (97%)	23 (33%)	16 (23%)	30 (44%)	0	0
28	Ab	55/57 (96%)	14 (26%)	19 (34%)	22 (40%)	0	0
29	Ac	47/49 (96%)	14 (30%)	7 (15%)	26 (55%)	0	0
30	Ad	47/49 (96%)	20 (43%)	12 (26%)	15 (32%)	0	0
31	Ae	62/64 (97%)	23 (37%)	18 (29%)	21 (34%)	0	0
32	Af	35/37 (95%)	20 (57%)	5 (14%)	10 (29%)	0	0

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
35	BF	232/234 (99%)	114 (49%)	41 (18%)	77 (33%)	0	0
36	BG	204/206 (99%)	107 (52%)	46 (22%)	51 (25%)	0	1
37	BH	206/208 (99%)	95 (46%)	57 (28%)	54 (26%)	0	1
38	BI	148/150 (99%)	93 (63%)	38 (26%)	17 (12%)	0	9
39	BJ	99/101 (98%)	58 (59%)	19 (19%)	22 (22%)	0	2
40	BK	153/155 (99%)	73 (48%)	45 (29%)	35 (23%)	0	1
41	BL	136/138 (99%)	68 (50%)	35 (26%)	33 (24%)	0	1
42	BM	125/127 (98%)	62 (50%)	33 (26%)	30 (24%)	0	1
43	BN	96/98 (98%)	52 (54%)	20 (21%)	24 (25%)	0	1
44	BO	117/119 (98%)	65 (56%)	29 (25%)	23 (20%)	0	3
45	BP	122/124 (98%)	50 (41%)	30 (25%)	42 (34%)	0	0
46	BQ	112/114 (98%)	64 (57%)	29 (26%)	19 (17%)	0	5
47	BR	58/60 (97%)	24 (41%)	16 (28%)	18 (31%)	0	0
48	BS	86/88 (98%)	36 (42%)	35 (41%)	15 (17%)	0	4
49	BT	81/83 (98%)	42 (52%)	24 (30%)	15 (18%)	0	3
50	BU	102/104 (98%)	62 (61%)	23 (22%)	17 (17%)	0	5
51	BV	71/73 (97%)	26 (37%)	26 (37%)	19 (27%)	0	0
52	BW	78/80 (98%)	30 (38%)	25 (32%)	23 (30%)	0	0
53	BX	97/99 (98%)	38 (39%)	32 (33%)	27 (28%)	0	0
54	BY	22/24 (92%)	9 (41%)	6 (27%)	7 (32%)	0	0
55	CA	587/593 (99%)	313 (53%)	170 (29%)	104 (18%)	0	4
All	All	6565/6671 (98%)	3259 (50%)	1650 (25%)	1656 (25%)	0	1

5 of 1656 Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
3	AC	35	ALA
3	AC	39	GLU
3	AC	54	SER
3	AC	61	THR
3	AC	66	HIS

### 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	AC	180/180 (100%)	151 (84%)	29 (16%)	3	22
4	AD	215/215 (100%)	153 (71%)	62 (29%)	0	4
5	AE	166/166 (100%)	102 (61%)	64 (39%)	0	0
6	AF	164/164 (100%)	105 (64%)	59 (36%)	0	1
7	AG	156/156 (100%)	112 (72%)	44 (28%)	0	4
8	AH	143/143 (100%)	108 (76%)	35 (24%)	1	7
10	AJ	101/101 (100%)	71 (70%)	30 (30%)	0	3
11	AK	118/118 (100%)	79 (67%)	39 (33%)	0	2
12	AL	100/100 (100%)	69 (69%)	31 (31%)	0	3
13	AM	111/111 (100%)	71 (64%)	40 (36%)	0	1
14	AN	106/106 (100%)	65 (61%)	41 (39%)	0	0
15	AO	100/100 (100%)	71 (71%)	29 (29%)	0	4
16	AP	87/87 (100%)	63 (72%)	24 (28%)	0	4
17	AQ	105/105 (100%)	68 (65%)	37 (35%)	0	1
18	AR	93/93 (100%)	64 (69%)	29 (31%)	0	3
19	AS	82/82 (100%)	57 (70%)	25 (30%)	0	3
20	AT	90/90 (100%)	64 (71%)	26 (29%)	0	4
21	AU	76/76 (100%)	57 (75%)	19 (25%)	1	6
22	AV	91/91 (100%)	72 (79%)	19 (21%)	1	11
23	AW	159/159 (100%)	120 (76%)	39 (24%)	1	7
24	AX	67/67 (100%)	51 (76%)	16 (24%)	1	7
25	AY	62/62 (100%)	44 (71%)	18 (29%)	0	4
26	AZ	51/51 (100%)	36 (71%)	15 (29%)	0	3
27	Aa	63/63 (100%)	45 (71%)	18 (29%)	0	4
28	Ab	50/50 (100%)	31 (62%)	19 (38%)	0	0
29	Ac	48/48 (100%)	33 (69%)	15 (31%)	0	3

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
30	Ad	42/42 (100%)	29 (69%)	13 (31%)	0	3
31	Ae	54/54 (100%)	44 (82%)	10 (18%)	2	15
32	Af	34/34 (100%)	29 (85%)	5 (15%)	4	25
35	BF	202/202 (100%)	138 (68%)	64 (32%)	0	3
36	BG	160/160 (100%)	123 (77%)	37 (23%)	1	8
37	BH	180/180 (100%)	131 (73%)	49 (27%)	0	5
38	BI	115/115 (100%)	78 (68%)	37 (32%)	0	3
39	BJ	90/90 (100%)	61 (68%)	29 (32%)	0	3
40	BK	126/126 (100%)	93 (74%)	33 (26%)	0	6
41	BL	119/119 (100%)	86 (72%)	33 (28%)	0	4
42	BM	98/98 (100%)	73 (74%)	25 (26%)	1	6
43	BN	88/88 (100%)	67 (76%)	21 (24%)	1	7
44	BO	90/90 (100%)	73 (81%)	17 (19%)	2	14
45	BP	104/104 (100%)	81 (78%)	23 (22%)	1	10
46	BQ	92/92 (100%)	67 (73%)	25 (27%)	0	5
47	BR	49/49 (100%)	36 (74%)	13 (26%)	0	5
48	BS	79/79 (100%)	64 (81%)	15 (19%)	2	14
49	BT	72/72 (100%)	49 (68%)	23 (32%)	0	3
50	BU	96/96 (100%)	67 (70%)	29 (30%)	0	3
51	BV	64/64 (100%)	48 (75%)	16 (25%)	1	6
52	BW	71/71 (100%)	51 (72%)	20 (28%)	0	4
53	BX	76/76 (100%)	59 (78%)	17 (22%)	1	10
54	BY	19/19 (100%)	17 (90%)	2 (10%)	8	39
55	CA	481/507 (95%)	350 (73%)	131 (27%)	0	5
All	All	5385/5411 (100%)	3876 (72%)	1509 (28%)	2	4

5 of 1509 residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
23	AW	3	TYR
31	Ae	62	LEU
55	CA	48	LEU
23	AW	86	VAL
26	AZ	37	LEU

Some sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. 5 of 186 such sidechains are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
30	Ad	36	GLN
36	BG	139	GLN
53	BX	73	HIS
31	Ae	33	ASN
35	BF	135	GLN

### 5.3.3 RNA ⓘ

Mol	Chain	Analysed	Backbone Outliers	Pucker Outliers
1	AA	2880/2889 (99%)	1261 (43%)	253 (8%)
2	AB	122/123 (99%)	46 (37%)	3 (2%)
34	BA	1514/1515 (99%)	484 (31%)	140 (9%)
All	All	4516/4527 (99%)	1791 (39%)	396 (8%)

5 of 1791 RNA backbone outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	AA	13	A
1	AA	14	A
1	AA	15	G
1	AA	20	C
1	AA	26	G

5 of 396 RNA pucker outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	AA	2017	U
1	AA	2500	U
34	BA	1214	C
1	AA	2033	A
1	AA	2225	A

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

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

## 5.5 Carbohydrates

There are no carbohydrates in this entry.

## 5.6 Ligand geometry

3 ligands are modelled in this entry.

In the following table, the Counts columns list the number of bonds (or angles) for which Mogul statistics could be retrieved, the number of bonds (or angles) that are observed in the model and the number of bonds (or angles) that are defined in the chemical component dictionary. The Link column lists molecule types, if any, to which the group is linked. The Z score for a bond length (or angle) is the number of standard deviations the observed value is removed from the expected value. A bond length (or angle) with  $|Z| > 2$  is considered an outlier worth inspection. RMSZ is the root-mean-square of all Z scores of the bond lengths (or angles).

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	$\# Z  > 2$	Counts	RMSZ	$\# Z  > 2$
56	NMY	AA	3001	-	45,45,45	0.51	0	59,67,67	1.15	7 (11%)
56	NMY	BB	1601	-	45,45,45	0.50	0	59,67,67	1.03	6 (10%)
57	GCP	CA	701	-	29,34,34	1.47	6 (20%)	32,54,54	1.72	5 (15%)

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

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
56	NMY	AA	3001	-	-	0/18/94/94	1/4/4/4
56	NMY	BB	1601	-	-	0/18/94/94	0/4/4/4
57	GCP	CA	701	-	-	0/15/38/38	0/3/3/3

The worst 5 of 6 bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
57	CA	701	GCP	PB-O2B	2.12	1.61	1.56
57	CA	701	GCP	PG-O3G	2.65	1.61	1.54
57	CA	701	GCP	PB-O3A	2.66	1.61	1.58
57	CA	701	GCP	PG-O2G	2.67	1.61	1.54
57	CA	701	GCP	C5-C4	3.13	1.47	1.40

The worst 5 of 18 bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
57	CA	701	GCP	C5-C6-N1	-4.20	118.03	123.52
57	CA	701	GCP	N3-C2-N1	-3.46	122.86	127.56
57	CA	701	GCP	C6-C5-C4	-3.18	117.22	120.86
56	AA	3001	NMY	C18-O18-C15	-2.34	111.77	118.00
56	BB	1601	NMY	C1-O1-C10	-2.34	111.78	118.00

There are no chirality outliers.

There are no torsion outliers.

All (1) ring outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms
56	AA	3001	NMY	C10-C11-C12-C7-C8-C9

3 monomers are involved in 77 short contacts:

Mol	Chain	Res	Type	Clashes	Symm-Clashes
56	AA	3001	NMY	23	0
56	BB	1601	NMY	15	0
57	CA	701	GCP	39	0

## 5.7 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.

## 5.8 Polymer linkage issues [i](#)

The following chains have linkage breaks:

Mol	Chain	Number of breaks
1	AA	11
33	Ag	3
34	BA	3
55	CA	2
9	AI	1

The worst 5 of 20 chain breaks are listed below:

Model	Chain	Residue-1	Atom-1	Residue-2	Atom-2	Distance (Å)
1	Ag	30:UNK	C	123:UNK	N	31.39
1	CA	542:LYS	C	552:ASP	N	16.28
1	AA	164:U	O3'	171:G	P	7.69

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Model	Chain	Residue-1	Atom-1	Residue-2	Atom-2	Distance (Å)
1	AA	2893:G	O3'	2894:G	P	5.34
1	CA	277:THR	C	281:GLU	N	5.08