



# Full wwPDB X-ray Structure Validation Report ⓘ

Feb 1, 2016 – 08:04 PM GMT

PDB ID : 4QA9  
Title : Ensemble refinement of an epoxide hydrolase from *Streptomyces carzinostaticus* subsp. *neocarzinostaticus*.  
Authors : Wang, F.; Tan, K.; Bigelow, L.; Clancy, S.; Babnigg, G.; Bingman, C.A.; Yennamalli, R.; Lohman, J.; Ma, M.; Shen, B.; Joachimiak, A.; Phillips Jr., G.N.; Midwest Center for Structural Genomics (MCSG); Enzyme Discovery for Natural Product Biosynthesis (NatPro)  
Deposited on : 2014-05-02  
Resolution : 1.56 Å(reported)

This is a Full wwPDB X-ray Structure Validation Report for a publicly released PDB entry.  
We welcome your comments at [validation@mail.wwpdb.org](mailto:validation@mail.wwpdb.org)  
A user guide is available at  
<http://wwpdb.org/validation/2016/XrayValidationReportHelp>  
with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

---

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

MolProbity : 4.02b-467  
Mogul : 1.7 (RC4), CSD as536be (2015)  
Xtriage (Phenix) : 1.9-1692  
EDS : **FAILED**  
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) : trunk26865

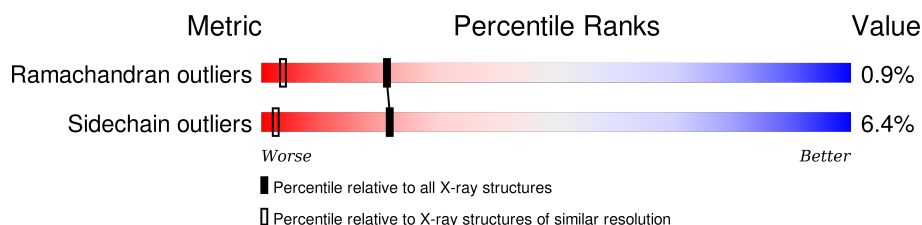
# 1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

## *X-RAY DIFFRACTION*

The reported resolution of this entry is 1.56 Å.

Percentile scores (ranging between 0-100) for global validation metrics of the entry are shown in the following graphic. The table shows the number of entries on which the scores are based.



Metric	Whole archive (#Entries)	Similar resolution (#Entries, resolution range(Å))
Ramachandran outliers	100387	1704 (1.58-1.54)
Sidechain outliers	100360	1702 (1.58-1.54)

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the electron density. The red, orange, yellow and green segments on the lower 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  $\leq 5\%$ . The upper red bar (where present) indicates the fraction of residues that have poor fit to the electron density. The numeric value is given above the bar.

Note EDS failed to run properly.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	1-A	388	
1	10-A	388	
1	11-A	388	
1	12-A	388	
1	13-A	388	
1	14-A	388	
1	15-A	388	
1	16-A	388	

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	17-A	388	 93% 6% .
1	18-A	388	 93% 6% .
1	19-A	388	 94% 6% .
1	2-A	388	 94% 5% .
1	20-A	388	 93% 6% .
1	3-A	388	 93% 6% .
1	4-A	388	 94% 5% .
1	5-A	388	 94% 5% .
1	6-A	388	 94% 5% .
1	7-A	388	 93% 6% .
1	8-A	388	 93% 7% .
1	9-A	388	 92% 8% .

## 2 Entry composition

There are 4 unique types of molecules in this entry. The entry contains 129042 atoms, of which 61340 are hydrogens and 0 are deuteriums.

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

- Molecule 1 is a protein called Epoxide hydrolase.

Mol	Chain	Residues	Atoms						ZeroOcc	AltConf	Trace
1	1-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	2-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	3-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	4-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	5-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	6-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	7-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	8-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	9-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	10-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	11-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	12-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	13-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	14-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	15-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0
1	16-A	388	Total 6046	C 1953	H 2995	N 524	O 563	S 11	0	0	0

*Continued on next page...*

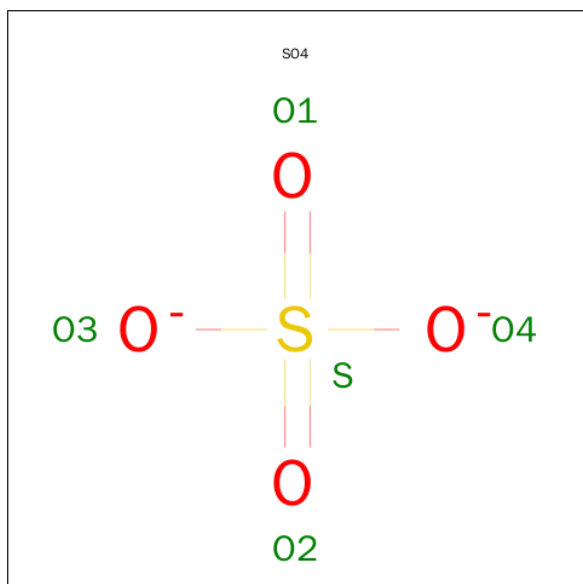
Continued from previous page...

Mol	Chain	Residues	Atoms						ZeroOcc	AltConf	Trace
1	17-A	388	Total	C	H	N	O	S	0	0	0
			6046	1953	2995	524	563	11			
1	18-A	388	Total	C	H	N	O	S	0	0	0
			6046	1953	2995	524	563	11			
1	19-A	388	Total	C	H	N	O	S	0	0	0
			6046	1953	2995	524	563	11			
1	20-A	388	Total	C	H	N	O	S	0	0	0
			6046	1953	2995	524	563	11			

There are 3 discrepancies between the modelled and reference sequences:

Chain	Residue	Modelled	Actual	Comment	Reference
A	-2	SER	-	EXPRESSION TAG	UNP Q84HB8
A	-1	ASN	-	EXPRESSION TAG	UNP Q84HB8
A	0	ALA	-	EXPRESSION TAG	UNP Q84HB8

- Molecule 2 is SULFATE ION (three-letter code: SO<sub>4</sub>) (formula: O<sub>4</sub>S).



Mol	Chain	Residues	Atoms			ZeroOcc	AltConf
2	1-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	2-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	3-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	4-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms			ZeroOcc	AltConf
2	5-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	6-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	7-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	8-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	9-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	10-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	11-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	12-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	13-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	14-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	15-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	16-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	17-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	18-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	19-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	20-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	1-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	2-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	3-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	4-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	5-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms			ZeroOcc	AltConf
2	6-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	7-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	8-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	9-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	10-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	11-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	12-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	13-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	14-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	15-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	16-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	17-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	18-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	19-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	20-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	1-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	2-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	3-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	4-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	5-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	6-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms			ZeroOcc	AltConf
2	7-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	8-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	9-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	10-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	11-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	12-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	13-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	14-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	15-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	16-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	17-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	18-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	19-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	20-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	1-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	2-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	3-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	4-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	5-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	6-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	7-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		

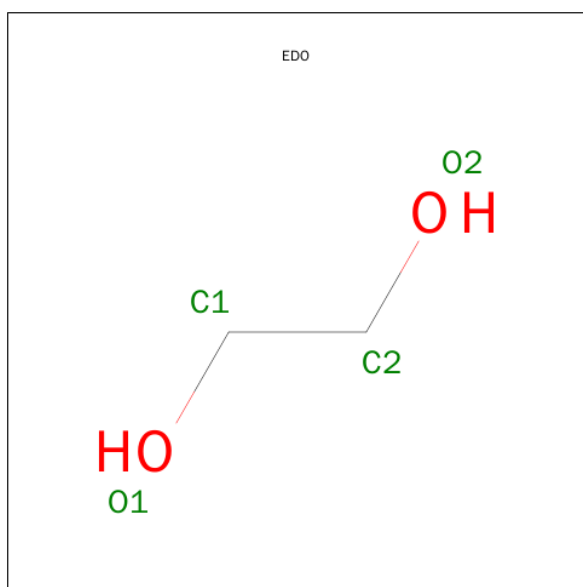
*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms			ZeroOcc	AltConf
2	8-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	9-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	10-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	11-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	12-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	13-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	14-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	15-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	16-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	17-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	18-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	19-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		
2	20-A	1	Total	O	S	0	0
			5	4	1		

- Molecule 3 is 1,2-ETHANEDIOL (three-letter code: EDO) (formula: C<sub>2</sub>H<sub>6</sub>O<sub>2</sub>).



Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

Continued on next page...

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	1-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	2-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	3-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	4-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms				ZeroOcc	AltConf
3	5-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	6-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	7-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	8-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	9-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	10-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	11-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	12-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	13-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	14-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	15-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	16-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	17-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	18-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	19-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		
3	20-A	1	Total	C	H	O	0	0
			10	2	6	2		

- Molecule 4 is water.

Mol	Chain	Residues	Atoms		ZeroOcc	AltConf
4	1-A	271	Total	O	0	0
			271	271		
4	2-A	270	Total	O	0	0
			270	270		
4	3-A	288	Total	O	0	0
			288	288		

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Residues	Atoms		ZeroOcc	AltConf
4	4-A	262	Total 262	O 262	0	0
4	5-A	272	Total 272	O 272	0	0
4	6-A	268	Total 268	O 268	0	0
4	7-A	272	Total 272	O 272	0	0
4	8-A	280	Total 280	O 280	0	0
4	9-A	252	Total 252	O 252	0	0
4	10-A	286	Total 286	O 286	0	0
4	11-A	258	Total 258	O 258	0	0
4	12-A	251	Total 251	O 251	0	0
4	13-A	264	Total 264	O 264	0	0
4	14-A	260	Total 260	O 260	0	0
4	15-A	284	Total 284	O 284	0	0
4	16-A	263	Total 263	O 263	0	0
4	17-A	243	Total 243	O 243	0	0
4	18-A	262	Total 262	O 262	0	0
4	19-A	270	Total 270	O 270	0	0
4	20-A	246	Total 246	O 246	0	0

### 3 Residue-property plots [i](#)

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 and electron density. Residues are color-coded according to the number of geometric quality criteria for which they contain at least one outlier: green = 0, yellow = 1, orange = 2 and red = 3 or more. A red dot above a residue indicates a poor fit to the electron density ( $RSRZ > 2$ ). Stretches of 2 or more consecutive residues without any outlier are shown as a green connector. Residues present in the sample, but not in the model, are shown in grey.

Note EDS failed to run properly.

- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 1-A:  95% 5% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 2-A:  94% 5% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 3-A:  93% 6% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 4-A:  94% 5% •



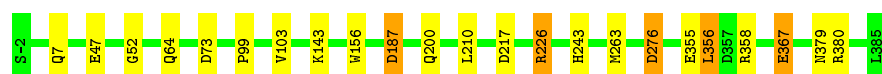
- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 5-A:  94% 5% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 6-A:  94% 5% •



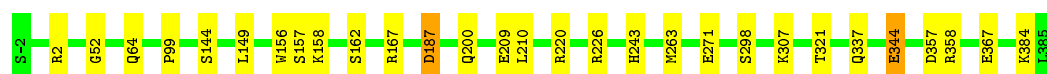
- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 7-A:  93% 6% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 8-A:  93% 7% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 9-A:  92% 8% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 10-A:  95% 5% •



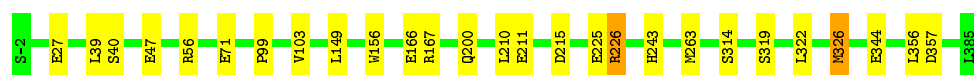
- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 11-A:  94% 5% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

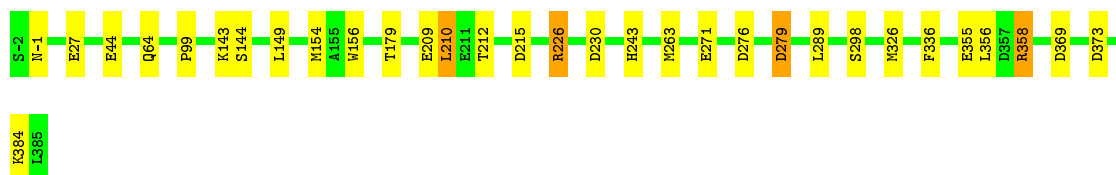
Chain 12-A:  93% 6% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 13-A:  92% 7% •





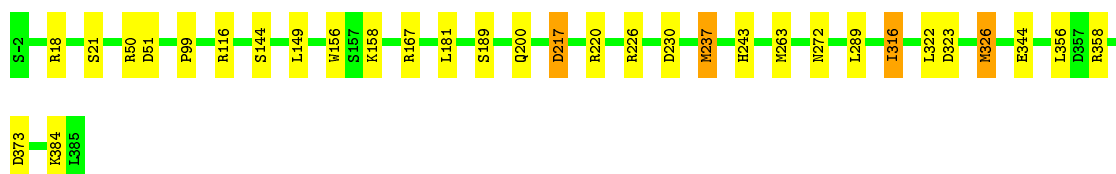
- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 14-A: 93% 6% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 15-A: 92% 7% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 16-A: 93% 6% •



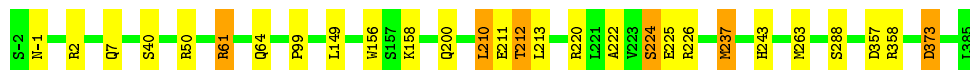
- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 17-A: 93% 6% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 18-A: 93% 6% •

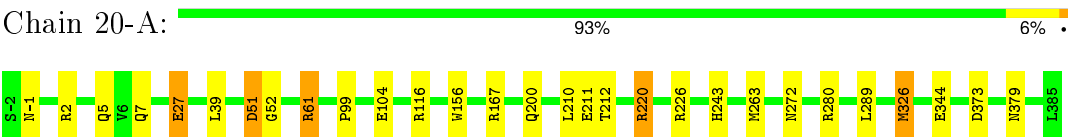


- Molecule 1: Epoxide hydrolase

Chain 19-A: 94% 6% •



- Molecule 1: Epoxide hydrolase



## 4 Data and refinement statistics

EDS failed to run properly - this section will therefore be incomplete.

Property	Value	Source
Space group	P 41 21 2	Depositor
Cell constants a, b, c, $\alpha$ , $\beta$ , $\gamma$	75.33Å 75.33Å 165.03Å 90.00° 90.00° 90.00°	Depositor
Resolution (Å)	27.82 – 1.56	Depositor
% Data completeness (in resolution range)	96.4 (27.82-1.56)	Depositor
$R_{merge}$	(Not available)	Depositor
$R_{sym}$	(Not available)	Depositor
$\langle I/\sigma(I) \rangle$ <sup>1</sup>	3.10 (at 1.56Å)	Xtriage
Refinement program	PHENIX (phenix.ensemble_refinement: dev_1420)	Depositor
R, $R_{free}$	0.122 , 0.151	Depositor
Wilson B-factor (Å <sup>2</sup> )	17.3	Xtriage
Anisotropy	0.718	Xtriage
Estimated twinning fraction	No twinning to report.	Xtriage
L-test for twinning <sup>2</sup>	$\langle  L  \rangle = 0.48$ , $\langle L^2 \rangle = 0.31$	Xtriage
Outliers	0 of 65942 reflections	Xtriage
Total number of atoms	129042	wwPDB-VP
Average B, all atoms (Å <sup>2</sup> )	17.0	wwPDB-VP

Xtriage's analysis on translational NCS is as follows: *The largest off-origin peak in the Patterson function is 5.15% of the height of the origin peak. No significant pseudotranslation is detected.*

<sup>1</sup> Intensities estimated from amplitudes.

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

## 5 Model quality ⓘ

### 5.1 Standard geometry ⓘ

Bond lengths and bond angles in the following residue types are not validated in this section: SO4, EDO

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-A	0.65	1/3139 (0.0%)	0.83	2/4275 (0.0%)
1	2-A	0.69	5/3139 (0.2%)	0.82	2/4275 (0.0%)
1	3-A	0.68	1/3139 (0.0%)	0.87	5/4275 (0.1%)
1	4-A	0.65	0/3139	0.83	2/4275 (0.0%)
1	5-A	0.73	3/3139 (0.1%)	0.86	5/4275 (0.1%)
1	6-A	0.67	2/3139 (0.1%)	0.85	6/4275 (0.1%)
1	7-A	0.67	1/3139 (0.0%)	0.88	7/4275 (0.2%)
1	8-A	0.73	3/3139 (0.1%)	0.82	0/4275
1	9-A	0.65	2/3139 (0.1%)	0.88	7/4275 (0.2%)
1	10-A	0.67	0/3139	0.89	5/4275 (0.1%)
1	11-A	0.67	2/3139 (0.1%)	0.85	7/4275 (0.2%)
1	12-A	0.66	2/3139 (0.1%)	0.83	2/4275 (0.0%)
1	13-A	0.71	1/3139 (0.0%)	0.89	9/4275 (0.2%)
1	14-A	0.67	2/3139 (0.1%)	0.86	6/4275 (0.1%)
1	15-A	0.72	3/3139 (0.1%)	0.88	8/4275 (0.2%)
1	16-A	0.66	1/3139 (0.0%)	0.90	8/4275 (0.2%)
1	17-A	0.72	3/3139 (0.1%)	0.86	4/4275 (0.1%)
1	18-A	0.71	3/3139 (0.1%)	0.90	12/4275 (0.3%)
1	19-A	0.65	0/3139	0.86	5/4275 (0.1%)
1	20-A	0.70	4/3139 (0.1%)	0.88	12/4275 (0.3%)
All	All	0.68	39/62780 (0.1%)	0.86	114/85500 (0.1%)

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

Mol	Chain	#Chirality outliers	#Planarity outliers
1	2-A	0	1
1	4-A	0	1
1	7-A	0	1

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	#Chirality outliers	#Planarity outliers
1	12-A	0	1
1	16-A	0	1
1	17-A	0	1
1	18-A	0	1
1	19-A	0	1
All	All	0	8

All (39) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	8-A	367	GLU	CB-CG	-11.92	1.29	1.52
1	5-A	237	MET	CB-CG	10.58	1.85	1.51
1	16-A	237	MET	CB-CG	10.35	1.84	1.51
1	15-A	344	GLU	CB-CG	10.35	1.71	1.52
1	20-A	344	GLU	CB-CG	8.82	1.69	1.52
1	3-A	298	SER	CB-OG	-8.26	1.31	1.42
1	17-A	298	SER	CB-OG	-8.19	1.31	1.42
1	2-A	174	ASP	CB-CG	-7.88	1.35	1.51
1	9-A	307	LYS	CE-NZ	7.86	1.68	1.49
1	8-A	344	GLU	CB-CG	7.70	1.66	1.52
1	2-A	44	GLU	CB-CG	7.40	1.66	1.52
1	5-A	323	ASP	CA-CB	6.66	1.68	1.53
1	1-A	44	GLU	CB-CG	6.54	1.64	1.52
1	8-A	367	GLU	CG-CD	-6.52	1.42	1.51
1	2-A	103	VAL	CB-CG2	-6.41	1.39	1.52
1	15-A	326	MET	CB-CG	6.37	1.71	1.51
1	20-A	27	GLU	CB-CG	6.25	1.64	1.52
1	18-A	225	GLU	CB-CG	6.19	1.64	1.52
1	7-A	237	MET	CB-CG	-6.17	1.31	1.51
1	14-A	225	GLU	CG-CD	6.12	1.61	1.51
1	12-A	226	ARG	CG-CD	5.96	1.66	1.51
1	2-A	27	GLU	CB-CG	5.77	1.63	1.52
1	18-A	288	SER	CA-CB	5.74	1.61	1.52
1	12-A	27	GLU	CB-CG	5.68	1.62	1.52
1	15-A	237	MET	CB-CG	5.53	1.69	1.51
1	14-A	225	GLU	CB-CG	5.49	1.62	1.52
1	20-A	104	GLU	CB-CG	5.44	1.62	1.52
1	6-A	367	GLU	CG-CD	-5.44	1.43	1.51
1	11-A	237	MET	CB-CG	-5.35	1.34	1.51
1	13-A	44	GLU	CB-CG	5.31	1.62	1.52
1	6-A	103	VAL	CB-CG2	-5.31	1.41	1.52
1	5-A	22	GLU	CB-CG	5.31	1.62	1.52

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
1	18-A	211	GLU	CB-CG	5.30	1.62	1.52
1	9-A	307	LYS	CD-CE	5.30	1.64	1.51
1	20-A	373	ASP	CB-CG	5.25	1.62	1.51
1	2-A	27	GLU	CG-CD	5.14	1.59	1.51
1	17-A	166	GLU	CG-CD	5.12	1.59	1.51
1	17-A	148	GLU	CG-CD	5.08	1.59	1.51
1	11-A	326	MET	CB-CG	-5.03	1.35	1.51

All (114) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	16-A	237	MET	CG-SD-CE	-14.25	77.41	100.20
1	20-A	61	ARG	NE-CZ-NH1	12.29	126.44	120.30
1	10-A	61	ARG	NE-CZ-NH1	12.20	126.40	120.30
1	7-A	237	MET	CG-SD-CE	10.75	117.40	100.20
1	14-A	237	MET	CG-SD-CE	10.57	117.11	100.20
1	9-A	340	ARG	NE-CZ-NH1	10.21	125.40	120.30
1	15-A	237	MET	CB-CG-SD	-10.15	81.95	112.40
1	11-A	61	ARG	NE-CZ-NH1	9.96	125.28	120.30
1	10-A	61	ARG	NE-CZ-NH2	-9.54	115.53	120.30
1	19-A	174	ASP	CB-CG-OD1	-9.04	110.16	118.30
1	19-A	380	ARG	NE-CZ-NH2	-9.03	115.78	120.30
1	5-A	326	MET	CG-SD-CE	-9.00	85.79	100.20
1	3-A	167	ARG	NE-CZ-NH2	8.66	124.63	120.30
1	6-A	276	ASP	CB-CA-C	8.65	127.70	110.40
1	10-A	210	LEU	CA-CB-CG	8.44	134.72	115.30
1	20-A	220	ARG	NE-CZ-NH1	8.44	124.52	120.30
1	15-A	226	ARG	NE-CZ-NH2	-8.34	116.13	120.30
1	1-A	174	ASP	CB-CA-C	8.34	127.08	110.40
1	11-A	323	ASP	CB-CG-OD1	8.33	125.80	118.30
1	2-A	226	ARG	NE-CZ-NH1	8.13	124.37	120.30
1	20-A	220	ARG	CG-CD-NE	8.10	128.80	111.80
1	19-A	174	ASP	CB-CG-OD2	7.99	125.49	118.30
1	9-A	307	LYS	CD-CE-NZ	7.95	129.98	111.70
1	9-A	340	ARG	NE-CZ-NH2	-7.57	116.51	120.30
1	18-A	237	MET	CB-CG-SD	7.52	134.97	112.40
1	16-A	237	MET	CB-CG-SD	-7.47	89.98	112.40
1	6-A	217	ASP	CB-CG-OD2	7.41	124.97	118.30
1	20-A	373	ASP	CB-CG-OD1	7.40	124.96	118.30
1	9-A	187	ASP	CB-CG-OD1	-7.34	111.69	118.30
1	18-A	373	ASP	CB-CG-OD1	-7.34	111.69	118.30
1	11-A	326	MET	CB-CG-SD	-7.23	90.72	112.40

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	13-A	358	ARG	NE-CZ-NH1	7.20	123.90	120.30
1	20-A	61	ARG	NE-CZ-NH2	-7.16	116.72	120.30
1	6-A	356	LEU	CA-CB-CG	7.15	131.74	115.30
1	17-A	220	ARG	NE-CZ-NH2	-7.12	116.74	120.30
1	6-A	226	ARG	NE-CZ-NH2	-7.11	116.74	120.30
1	20-A	220	ARG	NE-CZ-NH2	-7.02	116.79	120.30
1	10-A	61	ARG	CG-CD-NE	7.00	126.49	111.80
1	18-A	237	MET	CG-SD-CE	6.89	111.22	100.20
1	5-A	211	GLU	N-CA-C	-6.88	92.43	111.00
1	13-A	226	ARG	NE-CZ-NH1	6.77	123.69	120.30
1	20-A	326	MET	CG-SD-CE	-6.69	89.50	100.20
1	18-A	210	LEU	CB-CG-CD1	6.52	122.08	111.00
1	18-A	50	ARG	NE-CZ-NH2	6.31	123.46	120.30
1	15-A	326	MET	CG-SD-CE	-6.27	90.16	100.20
1	14-A	226	ARG	NE-CZ-NH2	-6.26	117.17	120.30
1	13-A	358	ARG	CG-CD-NE	6.24	124.90	111.80
1	20-A	116	ARG	NE-CZ-NH2	-6.24	117.18	120.30
1	10-A	226	ARG	NE-CZ-NH2	-6.19	117.20	120.30
1	13-A	358	ARG	NE-CZ-NH2	-6.17	117.21	120.30
1	16-A	229	ASP	CB-CG-OD2	-6.16	112.75	118.30
1	18-A	61	ARG	NE-CZ-NH2	-6.12	117.24	120.30
1	18-A	211	GLU	N-CA-C	-6.12	94.46	111.00
1	16-A	88	ASP	CB-CG-OD2	-6.12	112.79	118.30
1	3-A	167	ARG	NE-CZ-NH1	-6.12	117.24	120.30
1	6-A	226	ARG	NE-CZ-NH1	6.11	123.36	120.30
1	7-A	358	ARG	NE-CZ-NH1	6.09	123.35	120.30
1	11-A	50	ARG	NE-CZ-NH1	-6.05	117.28	120.30
1	16-A	88	ASP	CB-CG-OD1	6.03	123.73	118.30
1	9-A	187	ASP	CB-CG-OD2	5.99	123.69	118.30
1	7-A	18	ARG	NE-CZ-NH2	5.97	123.28	120.30
1	15-A	18	ARG	NE-CZ-NH2	5.96	123.28	120.30
1	16-A	116	ARG	NE-CZ-NH1	5.93	123.27	120.30
1	4-A	307	LYS	CD-CE-NZ	5.93	125.33	111.70
1	17-A	229	ASP	CB-CG-OD2	5.89	123.61	118.30
1	16-A	229	ASP	CB-CG-OD1	5.87	123.58	118.30
1	11-A	61	ARG	NE-CZ-NH2	-5.86	117.37	120.30
1	7-A	220	ARG	NE-CZ-NH2	-5.84	117.38	120.30
1	18-A	61	ARG	NE-CZ-NH1	5.80	123.20	120.30
1	20-A	326	MET	CA-CB-CG	5.73	123.04	113.30
1	13-A	226	ARG	NE-CZ-NH2	-5.68	117.46	120.30
1	3-A	18	ARG	NE-CZ-NH1	-5.63	117.48	120.30
1	18-A	224	SER	N-CA-C	-5.61	95.84	111.00

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
1	17-A	298	SER	N-CA-CB	-5.58	102.12	110.50
1	18-A	50	ARG	NE-CZ-NH1	-5.58	117.51	120.30
1	7-A	357	ASP	CB-CG-OD1	-5.57	113.28	118.30
1	15-A	220	ARG	NE-CZ-NH2	-5.57	117.52	120.30
1	2-A	226	ARG	NE-CZ-NH2	-5.54	117.53	120.30
1	14-A	52	GLY	N-CA-C	5.52	126.90	113.10
1	20-A	61	ARG	CD-NE-CZ	5.52	131.33	123.60
1	14-A	226	ARG	NE-CZ-NH1	5.51	123.06	120.30
1	6-A	217	ASP	CB-CG-OD1	-5.51	113.34	118.30
1	5-A	18	ARG	CB-CA-C	5.50	121.41	110.40
1	9-A	319	SER	N-CA-CB	-5.50	102.26	110.50
1	13-A	226	ARG	CG-CD-NE	5.48	123.30	111.80
1	3-A	116	ARG	NE-CZ-NH1	5.46	123.03	120.30
1	12-A	56	ARG	NE-CZ-NH2	-5.46	117.57	120.30
1	1-A	280	ARG	NE-CZ-NH1	5.40	123.00	120.30
1	20-A	51	ASP	CB-CG-OD1	5.38	123.14	118.30
1	18-A	288	SER	CB-CA-C	5.38	120.31	110.10
1	19-A	119	GLY	N-CA-C	-5.37	99.68	113.10
1	12-A	326	MET	CB-CA-C	5.35	121.11	110.40
1	13-A	226	ARG	CD-NE-CZ	5.35	131.09	123.60
1	18-A	210	LEU	CA-CB-CG	5.35	127.60	115.30
1	5-A	88	ASP	CB-CG-OD2	5.33	123.10	118.30
1	5-A	154	MET	CB-CG-SD	5.33	128.39	112.40
1	15-A	116	ARG	NE-CZ-NH2	-5.32	117.64	120.30
1	14-A	373	ASP	CB-CG-OD2	-5.31	113.52	118.30
1	11-A	323	ASP	CB-CG-OD2	-5.30	113.53	118.30
1	11-A	50	ARG	NE-CZ-NH2	5.28	122.94	120.30
1	13-A	369	ASP	CB-CG-OD1	5.27	123.04	118.30
1	9-A	220	ARG	NE-CZ-NH1	-5.27	117.67	120.30
1	20-A	220	ARG	CD-NE-CZ	5.26	130.96	123.60
1	3-A	298	SER	N-CA-CB	-5.25	102.63	110.50
1	4-A	230	ASP	CB-CG-OD2	-5.22	113.60	118.30
1	14-A	149	LEU	CB-CG-CD1	-5.22	102.13	111.00
1	17-A	229	ASP	CB-CA-C	5.19	120.78	110.40
1	15-A	217	ASP	CB-CG-OD1	-5.09	113.72	118.30
1	16-A	167	ARG	NE-CZ-NH1	-5.08	117.76	120.30
1	13-A	279	ASP	CB-CG-OD1	5.07	122.86	118.30
1	7-A	358	ARG	NE-CZ-NH2	-5.05	117.77	120.30
1	19-A	224	SER	N-CA-CB	-5.04	102.93	110.50
1	7-A	307	LYS	CD-CE-NZ	5.02	123.25	111.70
1	15-A	181	LEU	CB-CG-CD2	-5.00	102.50	111.00

There are no chirality outliers.



All (8) planarity outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Group
1	12-A	356	LEU	Peptide
1	16-A	232	SER	Peptide
1	17-A	0	ALA	Peptide
1	18-A	222	ALA	Peptide
1	19-A	223	VAL	Peptide
1	2-A	-1	ASN	Peptide
1	4-A	356	LEU	Peptide
1	7-A	-1	ASN	Peptide

## 5.2 Too-close contacts

In the following table, the Non-H and H(model) columns list the number of non-hydrogen atoms and hydrogen atoms in the chain respectively. The H(added) column lists the number of hydrogen atoms added and optimized by MolProbity. The Clashes column lists the number of clashes within the asymmetric unit, whereas Symm-Clashes lists symmetry related clashes.

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	1-A	3051	2995	2982	0	0
1	2-A	3051	2995	2982	0	0
1	3-A	3051	2995	2982	0	0
1	4-A	3051	2995	2982	0	0
1	5-A	3051	2995	2982	0	0
1	6-A	3051	2995	2982	0	0
1	7-A	3051	2995	2982	0	0
1	8-A	3051	2995	2982	0	0
1	9-A	3051	2995	2982	0	0
1	10-A	3051	2995	2982	0	0
1	11-A	3051	2995	2982	0	0
1	12-A	3051	2995	2982	0	0
1	13-A	3051	2995	2982	0	0
1	14-A	3051	2995	2982	0	0
1	15-A	3051	2995	2982	0	0
1	16-A	3051	2995	2982	0	0
1	17-A	3051	2995	2982	0	0
1	18-A	3051	2995	2982	0	0
1	19-A	3051	2995	2982	0	0
1	20-A	3051	2995	2982	0	0
2	1-A	20	0	0	0	0
2	2-A	20	0	0	0	0
2	3-A	20	0	0	0	0
2	4-A	20	0	0	0	0

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
2	5-A	20	0	0	0	0
2	6-A	20	0	0	0	0
2	7-A	20	0	0	0	0
2	8-A	20	0	0	0	0
2	9-A	20	0	0	0	0
2	10-A	20	0	0	0	0
2	11-A	20	0	0	0	0
2	12-A	20	0	0	0	0
2	13-A	20	0	0	0	0
2	14-A	20	0	0	0	0
2	15-A	20	0	0	0	0
2	16-A	20	0	0	0	0
2	17-A	20	0	0	0	0
2	18-A	20	0	0	0	0
2	19-A	20	0	0	0	0
2	20-A	20	0	0	0	0
3	1-A	48	72	72	0	0
3	2-A	48	72	72	0	0
3	3-A	48	72	72	0	0
3	4-A	48	72	72	0	0
3	5-A	48	72	71	0	0
3	6-A	48	72	72	0	0
3	7-A	48	72	72	0	0
3	8-A	48	72	72	0	0
3	9-A	48	72	72	0	0
3	10-A	48	72	72	0	0
3	11-A	48	72	72	0	0
3	12-A	48	72	72	0	0
3	13-A	48	72	72	0	0
3	14-A	48	72	72	0	0
3	15-A	48	72	72	0	0
3	16-A	48	72	72	0	0
3	17-A	48	72	72	0	0
3	18-A	48	72	71	0	0
3	19-A	48	72	72	0	0
3	20-A	48	72	71	0	0
4	1-A	271	0	0	0	0
4	2-A	270	0	0	0	0
4	3-A	288	0	0	0	0
4	4-A	262	0	0	0	0
4	5-A	272	0	0	0	0
4	6-A	268	0	0	0	0

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
4	7-A	272	0	0	0	0
4	8-A	280	0	0	0	0
4	9-A	252	0	0	0	0
4	10-A	286	0	0	0	0
4	11-A	258	0	0	0	0
4	12-A	251	0	0	0	0
4	13-A	264	0	0	0	0
4	14-A	260	0	0	0	0
4	15-A	284	0	0	0	0
4	16-A	263	0	0	0	0
4	17-A	243	0	0	0	0
4	18-A	262	0	0	0	0
4	19-A	270	0	0	0	0
4	20-A	246	0	0	0	0
All	All	67702	61340	61077	0	0

The all-atom clashscore is defined as the number of clashes found per 1000 atoms (including hydrogen atoms). Clashscore could not be calculated for this entry.

There are no clashes within the asymmetric unit.

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 X-ray entries followed by that with respect to entries of similar resolution.

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

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	1-A	386/388 (100%)	367 (95%)	15 (4%)	4 (1%)	19	3
1	2-A	386/388 (100%)	375 (97%)	10 (3%)	1 (0%)	46	20
1	3-A	386/388 (100%)	372 (96%)	12 (3%)	2 (0%)	34	9
1	4-A	386/388 (100%)	367 (95%)	15 (4%)	4 (1%)	19	3
1	5-A	386/388 (100%)	369 (96%)	16 (4%)	1 (0%)	46	20
1	6-A	386/388 (100%)	370 (96%)	13 (3%)	3 (1%)	24	5

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	7-A	386/388 (100%)	365 (95%)	17 (4%)	4 (1%)	19	3
1	8-A	386/388 (100%)	371 (96%)	10 (3%)	5 (1%)	15	1
1	9-A	386/388 (100%)	370 (96%)	12 (3%)	4 (1%)	19	3
1	10-A	386/388 (100%)	369 (96%)	17 (4%)	0	100	100
1	11-A	386/388 (100%)	362 (94%)	20 (5%)	4 (1%)	19	3
1	12-A	386/388 (100%)	366 (95%)	18 (5%)	2 (0%)	34	9
1	13-A	386/388 (100%)	368 (95%)	15 (4%)	3 (1%)	24	5
1	14-A	386/388 (100%)	368 (95%)	12 (3%)	6 (2%)	12	1
1	15-A	386/388 (100%)	370 (96%)	14 (4%)	2 (0%)	34	9
1	16-A	386/388 (100%)	366 (95%)	14 (4%)	6 (2%)	12	1
1	17-A	386/388 (100%)	364 (94%)	17 (4%)	5 (1%)	15	1
1	18-A	386/388 (100%)	368 (95%)	13 (3%)	5 (1%)	15	1
1	19-A	386/388 (100%)	370 (96%)	12 (3%)	4 (1%)	19	3
1	20-A	386/388 (100%)	369 (96%)	14 (4%)	3 (1%)	24	5
All	All	7720/7760 (100%)	7366 (95%)	286 (4%)	68 (1%)	21	4

All (68) Ramachandran outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	1-A	210	LEU
1	7-A	358	ARG
1	11-A	211	GLU
1	11-A	213	LEU
1	13-A	210	LEU
1	14-A	224	SER
1	16-A	0	ALA
1	17-A	0	ALA
1	17-A	1	MET
1	17-A	212	THR
1	18-A	-1	ASN
1	18-A	224	SER
1	19-A	211	GLU
1	19-A	224	SER
1	1-A	224	SER
1	4-A	357	ASP
1	8-A	209	GLU
1	8-A	210	LEU

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	9-A	214	SER
1	11-A	207	PRO
1	12-A	357	ASP
1	13-A	209	GLU
1	14-A	0	ALA
1	14-A	207	PRO
1	16-A	233	GLY
1	18-A	212	THR
1	18-A	213	LEU
1	20-A	-1	ASN
1	4-A	0	ALA
1	9-A	209	GLU
1	16-A	52	GLY
1	16-A	73	ASP
1	16-A	271	GLU
1	20-A	52	GLY
1	7-A	210	LEU
1	8-A	52	GLY
1	9-A	52	GLY
1	14-A	206	GLU
1	3-A	51	ASP
1	4-A	31	VAL
1	6-A	52	GLY
1	19-A	207	PRO
1	1-A	211	GLU
1	14-A	-1	ASN
1	7-A	208	GLY
1	15-A	316	ILE
1	4-A	99	PRO
1	7-A	99	PRO
1	8-A	187	ASP
1	12-A	99	PRO
1	17-A	187	ASP
1	3-A	99	PRO
1	6-A	187	ASP
1	8-A	99	PRO
1	6-A	99	PRO
1	13-A	99	PRO
1	1-A	99	PRO
1	2-A	99	PRO
1	5-A	99	PRO
1	9-A	99	PRO

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	11-A	99	PRO
1	14-A	99	PRO
1	17-A	99	PRO
1	18-A	99	PRO
1	19-A	99	PRO
1	20-A	99	PRO
1	15-A	99	PRO
1	16-A	99	PRO

### 5.3.2 Protein sidechains [i](#)

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

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

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles	
1	1-A	322/322 (100%)	305 (95%)	17 (5%)	28	4
1	2-A	322/322 (100%)	304 (94%)	18 (6%)	26	4
1	3-A	322/322 (100%)	298 (92%)	24 (8%)	17	1
1	4-A	322/322 (100%)	305 (95%)	17 (5%)	28	4
1	5-A	322/322 (100%)	302 (94%)	20 (6%)	23	3
1	6-A	322/322 (100%)	303 (94%)	19 (6%)	24	3
1	7-A	322/322 (100%)	303 (94%)	19 (6%)	24	3
1	8-A	322/322 (100%)	298 (92%)	24 (8%)	17	1
1	9-A	322/322 (100%)	298 (92%)	24 (8%)	17	1
1	10-A	322/322 (100%)	302 (94%)	20 (6%)	23	3
1	11-A	322/322 (100%)	304 (94%)	18 (6%)	26	4
1	12-A	322/322 (100%)	300 (93%)	22 (7%)	20	2
1	13-A	322/322 (100%)	294 (91%)	28 (9%)	13	1
1	14-A	322/322 (100%)	305 (95%)	17 (5%)	28	4
1	15-A	322/322 (100%)	297 (92%)	25 (8%)	16	1
1	16-A	322/322 (100%)	304 (94%)	18 (6%)	26	4
1	17-A	322/322 (100%)	301 (94%)	21 (6%)	21	2

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Analysed	Rotameric	Outliers	Percentiles
1	18-A	322/322 (100%)	303 (94%)	19 (6%)	24 3
1	19-A	322/322 (100%)	305 (95%)	17 (5%)	28 4
1	20-A	322/322 (100%)	300 (93%)	22 (7%)	20 2
All	All	6440/6440 (100%)	6031 (94%)	409 (6%)	22 2

All (409) residues with a non-rotameric sidechain are listed below:

Mol	Chain	Res	Type
1	1-A	-2	SER
1	1-A	-1	ASN
1	1-A	40	SER
1	1-A	44	GLU
1	1-A	76	THR
1	1-A	103	VAL
1	1-A	156	TRP
1	1-A	189	SER
1	1-A	200	GLN
1	1-A	210	LEU
1	1-A	211	GLU
1	1-A	243	HIS
1	1-A	263	MET
1	1-A	269	GLN
1	1-A	322	LEU
1	1-A	340	ARG
1	1-A	358	ARG
1	2-A	-2	SER
1	2-A	-1	ASN
1	2-A	2	ARG
1	2-A	7	GLN
1	2-A	44	GLU
1	2-A	102	PRO
1	2-A	156	TRP
1	2-A	167	ARG
1	2-A	187	ASP
1	2-A	211	GLU
1	2-A	226	ARG
1	2-A	243	HIS
1	2-A	263	MET
1	2-A	323	ASP
1	2-A	357	ASP
1	2-A	369	ASP

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	2-A	373	ASP
1	2-A	385	LEU
1	3-A	10	GLN
1	3-A	39	LEU
1	3-A	44	GLU
1	3-A	51	ASP
1	3-A	76	THR
1	3-A	116	ARG
1	3-A	149	LEU
1	3-A	156	TRP
1	3-A	167	ARG
1	3-A	187	ASP
1	3-A	210	LEU
1	3-A	215	ASP
1	3-A	226	ARG
1	3-A	230	ASP
1	3-A	243	HIS
1	3-A	263	MET
1	3-A	276	ASP
1	3-A	311	PRO
1	3-A	315	LEU
1	3-A	326	MET
1	3-A	346	ASP
1	3-A	355	GLU
1	3-A	357	ASP
1	3-A	370	LEU
1	4-A	-2	SER
1	4-A	47	GLU
1	4-A	103	VAL
1	4-A	156	TRP
1	4-A	189	SER
1	4-A	210	LEU
1	4-A	211	GLU
1	4-A	226	ARG
1	4-A	230	ASP
1	4-A	243	HIS
1	4-A	263	MET
1	4-A	282	LEU
1	4-A	298	SER
1	4-A	321	THR
1	4-A	344	GLU
1	4-A	356	LEU

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	4-A	384	LYS
1	5-A	18	ARG
1	5-A	22	GLU
1	5-A	30	ASP
1	5-A	40	SER
1	5-A	71	GLU
1	5-A	149	LEU
1	5-A	154	MET
1	5-A	156	TRP
1	5-A	166	GLU
1	5-A	187	ASP
1	5-A	196	VAL
1	5-A	210	LEU
1	5-A	212	THR
1	5-A	237	MET
1	5-A	243	HIS
1	5-A	263	MET
1	5-A	265	LYS
1	5-A	276	ASP
1	5-A	357	ASP
1	5-A	384	LYS
1	6-A	7	GLN
1	6-A	47	GLU
1	6-A	64	GLN
1	6-A	73	ASP
1	6-A	143	LYS
1	6-A	156	TRP
1	6-A	187	ASP
1	6-A	200	GLN
1	6-A	210	LEU
1	6-A	226	ARG
1	6-A	243	HIS
1	6-A	263	MET
1	6-A	276	ASP
1	6-A	355	GLU
1	6-A	356	LEU
1	6-A	358	ARG
1	6-A	367	GLU
1	6-A	379	ASN
1	6-A	380	ARG
1	7-A	-1	ASN
1	7-A	2	ARG

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	7-A	43	LYS
1	7-A	154	MET
1	7-A	156	TRP
1	7-A	174	ASP
1	7-A	186	ILE
1	7-A	200	GLN
1	7-A	212	THR
1	7-A	215	ASP
1	7-A	237	MET
1	7-A	243	HIS
1	7-A	263	MET
1	7-A	288	SER
1	7-A	298	SER
1	7-A	306	LEU
1	7-A	326	MET
1	7-A	348	LYS
1	7-A	357	ASP
1	8-A	2	ARG
1	8-A	64	GLN
1	8-A	144	SER
1	8-A	149	LEU
1	8-A	156	TRP
1	8-A	157	SER
1	8-A	158	LYS
1	8-A	162	SER
1	8-A	167	ARG
1	8-A	187	ASP
1	8-A	200	GLN
1	8-A	220	ARG
1	8-A	226	ARG
1	8-A	243	HIS
1	8-A	263	MET
1	8-A	271	GLU
1	8-A	298	SER
1	8-A	307	LYS
1	8-A	321	THR
1	8-A	337	GLN
1	8-A	344	GLU
1	8-A	357	ASP
1	8-A	358	ARG
1	8-A	384	LYS
1	9-A	-1	ASN

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	9-A	27	GLU
1	9-A	50	ARG
1	9-A	51	ASP
1	9-A	88	ASP
1	9-A	102	PRO
1	9-A	149	LEU
1	9-A	156	TRP
1	9-A	157	SER
1	9-A	162	SER
1	9-A	167	ARG
1	9-A	186	ILE
1	9-A	200	GLN
1	9-A	210	LEU
1	9-A	212	THR
1	9-A	229	ASP
1	9-A	243	HIS
1	9-A	263	MET
1	9-A	276	ASP
1	9-A	279	ASP
1	9-A	319	SER
1	9-A	357	ASP
1	9-A	379	ASN
1	9-A	384	LYS
1	10-A	2	ARG
1	10-A	44	GLU
1	10-A	64	GLN
1	10-A	141	PRO
1	10-A	144	SER
1	10-A	149	LEU
1	10-A	156	TRP
1	10-A	182	LEU
1	10-A	187	ASP
1	10-A	200	GLN
1	10-A	210	LEU
1	10-A	211	GLU
1	10-A	215	ASP
1	10-A	220	ARG
1	10-A	226	ARG
1	10-A	243	HIS
1	10-A	263	MET
1	10-A	276	ASP
1	10-A	322	LEU

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	10-A	340	ARG
1	11-A	5	GLN
1	11-A	7	GLN
1	11-A	18	ARG
1	11-A	61	ARG
1	11-A	116	ARG
1	11-A	122	PRO
1	11-A	149	LEU
1	11-A	151	ARG
1	11-A	154	MET
1	11-A	156	TRP
1	11-A	167	ARG
1	11-A	220	ARG
1	11-A	237	MET
1	11-A	243	HIS
1	11-A	263	MET
1	11-A	307	LYS
1	11-A	326	MET
1	11-A	384	LYS
1	12-A	39	LEU
1	12-A	40	SER
1	12-A	47	GLU
1	12-A	71	GLU
1	12-A	103	VAL
1	12-A	149	LEU
1	12-A	156	TRP
1	12-A	166	GLU
1	12-A	167	ARG
1	12-A	200	GLN
1	12-A	210	LEU
1	12-A	211	GLU
1	12-A	215	ASP
1	12-A	225	GLU
1	12-A	226	ARG
1	12-A	243	HIS
1	12-A	263	MET
1	12-A	314	SER
1	12-A	319	SER
1	12-A	322	LEU
1	12-A	326	MET
1	12-A	344	GLU
1	13-A	-1	ASN

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	13-A	27	GLU
1	13-A	64	GLN
1	13-A	143	LYS
1	13-A	144	SER
1	13-A	149	LEU
1	13-A	154	MET
1	13-A	156	TRP
1	13-A	179	THR
1	13-A	210	LEU
1	13-A	212	THR
1	13-A	215	ASP
1	13-A	226	ARG
1	13-A	230	ASP
1	13-A	243	HIS
1	13-A	263	MET
1	13-A	271	GLU
1	13-A	276	ASP
1	13-A	279	ASP
1	13-A	289	LEU
1	13-A	298	SER
1	13-A	326	MET
1	13-A	336	PHE
1	13-A	355	GLU
1	13-A	356	LEU
1	13-A	358	ARG
1	13-A	373	ASP
1	13-A	384	LYS
1	14-A	-1	ASN
1	14-A	2	ARG
1	14-A	27	GLU
1	14-A	144	SER
1	14-A	149	LEU
1	14-A	156	TRP
1	14-A	167	ARG
1	14-A	212	THR
1	14-A	213	LEU
1	14-A	230	ASP
1	14-A	243	HIS
1	14-A	263	MET
1	14-A	279	ASP
1	14-A	322	LEU
1	14-A	337	GLN

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	14-A	358	ARG
1	14-A	373	ASP
1	15-A	21	SER
1	15-A	50	ARG
1	15-A	51	ASP
1	15-A	144	SER
1	15-A	149	LEU
1	15-A	156	TRP
1	15-A	158	LYS
1	15-A	167	ARG
1	15-A	189	SER
1	15-A	200	GLN
1	15-A	217	ASP
1	15-A	230	ASP
1	15-A	237	MET
1	15-A	243	HIS
1	15-A	263	MET
1	15-A	272	ASN
1	15-A	289	LEU
1	15-A	316	ILE
1	15-A	322	LEU
1	15-A	323	ASP
1	15-A	326	MET
1	15-A	356	LEU
1	15-A	358	ARG
1	15-A	373	ASP
1	15-A	384	LYS
1	16-A	-2	SER
1	16-A	7	GLN
1	16-A	71	GLU
1	16-A	88	ASP
1	16-A	149	LEU
1	16-A	154	MET
1	16-A	156	TRP
1	16-A	166	GLU
1	16-A	167	ARG
1	16-A	182	LEU
1	16-A	217	ASP
1	16-A	237	MET
1	16-A	243	HIS
1	16-A	263	MET
1	16-A	281	ASP

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	16-A	298	SER
1	16-A	321	THR
1	16-A	379	ASN
1	17-A	-2	SER
1	17-A	-1	ASN
1	17-A	1	MET
1	17-A	2	ARG
1	17-A	18	ARG
1	17-A	21	SER
1	17-A	50	ARG
1	17-A	51	ASP
1	17-A	64	GLN
1	17-A	143	LYS
1	17-A	149	LEU
1	17-A	156	TRP
1	17-A	166	GLU
1	17-A	167	ARG
1	17-A	226	ARG
1	17-A	237	MET
1	17-A	243	HIS
1	17-A	263	MET
1	17-A	271	GLU
1	17-A	298	SER
1	17-A	321	THR
1	18-A	2	ARG
1	18-A	7	GLN
1	18-A	40	SER
1	18-A	61	ARG
1	18-A	64	GLN
1	18-A	149	LEU
1	18-A	156	TRP
1	18-A	158	LYS
1	18-A	200	GLN
1	18-A	210	LEU
1	18-A	212	THR
1	18-A	220	ARG
1	18-A	226	ARG
1	18-A	237	MET
1	18-A	243	HIS
1	18-A	263	MET
1	18-A	357	ASP
1	18-A	358	ARG

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	18-A	373	ASP
1	19-A	-2	SER
1	19-A	44	GLU
1	19-A	47	GLU
1	19-A	60	ARG
1	19-A	61	ARG
1	19-A	149	LEU
1	19-A	156	TRP
1	19-A	189	SER
1	19-A	196	VAL
1	19-A	211	GLU
1	19-A	212	THR
1	19-A	237	MET
1	19-A	243	HIS
1	19-A	263	MET
1	19-A	276	ASP
1	19-A	323	ASP
1	19-A	326	MET
1	20-A	2	ARG
1	20-A	5	GLN
1	20-A	7	GLN
1	20-A	27	GLU
1	20-A	39	LEU
1	20-A	51	ASP
1	20-A	61	ARG
1	20-A	156	TRP
1	20-A	167	ARG
1	20-A	200	GLN
1	20-A	210	LEU
1	20-A	211	GLU
1	20-A	212	THR
1	20-A	220	ARG
1	20-A	226	ARG
1	20-A	243	HIS
1	20-A	263	MET
1	20-A	272	ASN
1	20-A	280	ARG
1	20-A	289	LEU
1	20-A	326	MET
1	20-A	379	ASN

Some sidechains can be flipped to improve hydrogen bonding and reduce clashes. All (84) such sidechains are listed below:



Mol	Chain	Res	Type
1	1-A	5	GLN
1	1-A	238	GLN
1	1-A	269	GLN
1	1-A	361	HIS
1	2-A	-1	ASN
1	2-A	64	GLN
1	2-A	67	GLN
1	2-A	190	HIS
1	2-A	272	ASN
1	2-A	349	GLN
1	3-A	10	GLN
1	3-A	118	HIS
1	3-A	269	GLN
1	3-A	272	ASN
1	4-A	361	HIS
1	5-A	5	GLN
1	5-A	10	GLN
1	5-A	64	GLN
1	5-A	67	GLN
1	5-A	200	GLN
1	5-A	202	ASN
1	5-A	272	ASN
1	5-A	361	HIS
1	6-A	64	GLN
1	6-A	361	HIS
1	7-A	361	HIS
1	8-A	5	GLN
1	8-A	10	GLN
1	8-A	64	GLN
1	8-A	361	HIS
1	9-A	5	GLN
1	9-A	67	GLN
1	9-A	272	ASN
1	9-A	337	GLN
1	9-A	349	GLN
1	9-A	361	HIS
1	10-A	5	GLN
1	10-A	67	GLN
1	10-A	190	HIS
1	10-A	200	GLN
1	10-A	202	ASN
1	10-A	269	GLN
1	11-A	5	GLN

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Chain	Res	Type
1	11-A	10	GLN
1	11-A	202	ASN
1	11-A	269	GLN
1	11-A	337	GLN
1	12-A	7	GLN
1	12-A	67	GLN
1	12-A	200	GLN
1	12-A	337	GLN
1	12-A	361	HIS
1	12-A	379	ASN
1	13-A	7	GLN
1	13-A	64	GLN
1	13-A	337	GLN
1	13-A	361	HIS
1	14-A	-1	ASN
1	14-A	7	GLN
1	14-A	118	HIS
1	14-A	200	GLN
1	14-A	202	ASN
1	14-A	361	HIS
1	15-A	5	GLN
1	15-A	10	GLN
1	15-A	272	ASN
1	15-A	361	HIS
1	16-A	7	GLN
1	16-A	67	GLN
1	16-A	266	HIS
1	16-A	272	ASN
1	16-A	361	HIS
1	17-A	7	GLN
1	18-A	7	GLN
1	18-A	269	GLN
1	18-A	349	GLN
1	18-A	361	HIS
1	19-A	64	GLN
1	19-A	200	GLN
1	19-A	361	HIS
1	20-A	-1	ASN
1	20-A	10	GLN
1	20-A	64	GLN
1	20-A	200	GLN

### 5.3.3 RNA ⓘ

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

## 5.5 Carbohydrates ⓘ

There are no carbohydrates in this entry.

## 5.6 Ligand geometry ⓘ

320 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	$\# Z  > 2$
2	SO4	1-A	401	-	4,4,4	0.49	0	6,6,6	1.20	1 (16%)
2	SO4	1-A	402	-	4,4,4	0.56	0	6,6,6	1.38	1 (16%)
2	SO4	1-A	403	-	4,4,4	0.21	0	6,6,6	0.49	0
2	SO4	1-A	404	-	4,4,4	0.64	0	6,6,6	0.48	0
3	EDO	1-A	405	-	3,3,3	0.39	0	2,2,2	0.87	0
3	EDO	1-A	406	-	3,3,3	0.30	0	2,2,2	0.82	0
3	EDO	1-A	407	-	3,3,3	0.51	0	2,2,2	0.90	0
3	EDO	1-A	408	-	3,3,3	0.23	0	2,2,2	0.93	0
3	EDO	1-A	409	-	3,3,3	0.70	0	2,2,2	0.30	0
3	EDO	1-A	410	-	3,3,3	0.85	0	2,2,2	0.44	0
3	EDO	1-A	411	-	3,3,3	0.44	0	2,2,2	0.96	0
3	EDO	1-A	412	-	3,3,3	0.47	0	2,2,2	1.39	0
3	EDO	1-A	413	-	3,3,3	0.72	0	2,2,2	0.27	0
3	EDO	1-A	414	-	3,3,3	0.67	0	2,2,2	1.19	0
3	EDO	1-A	415	-	3,3,3	0.80	0	2,2,2	0.88	0
3	EDO	1-A	416	-	3,3,3	0.61	0	2,2,2	0.09	0
2	SO4	10-A	401	-	4,4,4	0.28	0	6,6,6	1.06	0

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	# Z  > 2	Counts	RMSZ	# Z  > 2
2	SO4	10-A	402	-	4,4,4	0.85	0	6,6,6	0.68	0
2	SO4	10-A	403	-	4,4,4	0.38	0	6,6,6	0.68	0
2	SO4	10-A	404	-	4,4,4	0.22	0	6,6,6	0.54	0
3	EDO	10-A	405	-	3,3,3	0.33	0	2,2,2	0.92	0
3	EDO	10-A	406	-	3,3,3	0.51	0	2,2,2	1.03	0
3	EDO	10-A	407	-	3,3,3	0.78	0	2,2,2	0.34	0
3	EDO	10-A	408	-	3,3,3	0.25	0	2,2,2	1.53	0
3	EDO	10-A	409	-	3,3,3	0.52	0	2,2,2	0.57	0
3	EDO	10-A	410	-	3,3,3	0.48	0	2,2,2	0.66	0
3	EDO	10-A	411	-	3,3,3	0.62	0	2,2,2	0.17	0
3	EDO	10-A	412	-	3,3,3	0.42	0	2,2,2	0.19	0
3	EDO	10-A	413	-	3,3,3	0.40	0	2,2,2	0.41	0
3	EDO	10-A	414	-	3,3,3	0.44	0	2,2,2	0.59	0
3	EDO	10-A	415	-	3,3,3	0.22	0	2,2,2	0.92	0
3	EDO	10-A	416	-	3,3,3	0.84	0	2,2,2	0.74	0
2	SO4	11-A	401	-	4,4,4	0.57	0	6,6,6	0.22	0
2	SO4	11-A	402	-	4,4,4	0.24	0	6,6,6	0.82	0
2	SO4	11-A	403	-	4,4,4	0.57	0	6,6,6	0.27	0
2	SO4	11-A	404	-	4,4,4	0.77	0	6,6,6	0.51	0
3	EDO	11-A	405	-	3,3,3	0.46	0	2,2,2	0.31	0
3	EDO	11-A	406	-	3,3,3	0.51	0	2,2,2	0.78	0
3	EDO	11-A	407	-	3,3,3	0.94	0	2,2,2	0.32	0
3	EDO	11-A	408	-	3,3,3	0.31	0	2,2,2	0.51	0
3	EDO	11-A	409	-	3,3,3	0.70	0	2,2,2	0.09	0
3	EDO	11-A	410	-	3,3,3	0.22	0	2,2,2	1.73	1 (50%)
3	EDO	11-A	411	-	3,3,3	0.48	0	2,2,2	0.71	0
3	EDO	11-A	412	-	3,3,3	0.55	0	2,2,2	0.41	0
3	EDO	11-A	413	-	3,3,3	0.47	0	2,2,2	0.27	0
3	EDO	11-A	414	-	3,3,3	0.32	0	2,2,2	1.33	0
3	EDO	11-A	415	-	3,3,3	0.56	0	2,2,2	0.06	0
3	EDO	11-A	416	-	3,3,3	0.91	0	2,2,2	0.59	0
2	SO4	12-A	401	-	4,4,4	0.31	0	6,6,6	1.08	1 (16%)
2	SO4	12-A	402	-	4,4,4	0.40	0	6,6,6	0.53	0
2	SO4	12-A	403	-	4,4,4	0.39	0	6,6,6	0.95	1 (16%)
2	SO4	12-A	404	-	4,4,4	0.33	0	6,6,6	0.72	0
3	EDO	12-A	405	-	3,3,3	0.58	0	2,2,2	0.10	0
3	EDO	12-A	406	-	3,3,3	0.41	0	2,2,2	0.86	0
3	EDO	12-A	407	-	3,3,3	0.92	0	2,2,2	0.42	0
3	EDO	12-A	408	-	3,3,3	0.36	0	2,2,2	0.69	0
3	EDO	12-A	409	-	3,3,3	0.43	0	2,2,2	0.70	0
3	EDO	12-A	410	-	3,3,3	0.36	0	2,2,2	1.55	1 (50%)
3	EDO	12-A	411	-	3,3,3	0.51	0	2,2,2	1.00	0

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	# Z  > 2	Counts	RMSZ	# Z  > 2
3	EDO	12-A	412	-	3,3,3	0.43	0	2,2,2	1.32	0
3	EDO	12-A	413	-	3,3,3	0.23	0	2,2,2	0.33	0
3	EDO	12-A	414	-	3,3,3	0.43	0	2,2,2	1.35	0
3	EDO	12-A	415	-	3,3,3	0.53	0	2,2,2	0.72	0
3	EDO	12-A	416	-	3,3,3	0.51	0	2,2,2	0.15	0
2	SO4	13-A	401	-	4,4,4	0.45	0	6,6,6	1.02	1 (16%)
2	SO4	13-A	402	-	4,4,4	0.21	0	6,6,6	0.47	0
2	SO4	13-A	403	-	4,4,4	0.32	0	6,6,6	0.34	0
2	SO4	13-A	404	-	4,4,4	0.33	0	6,6,6	0.68	0
3	EDO	13-A	405	-	3,3,3	0.56	0	2,2,2	0.79	0
3	EDO	13-A	406	-	3,3,3	0.21	0	2,2,2	2.03	1 (50%)
3	EDO	13-A	407	-	3,3,3	0.67	0	2,2,2	0.38	0
3	EDO	13-A	408	-	3,3,3	0.66	0	2,2,2	0.99	0
3	EDO	13-A	409	-	3,3,3	0.66	0	2,2,2	0.73	0
3	EDO	13-A	410	-	3,3,3	0.39	0	2,2,2	0.47	0
3	EDO	13-A	411	-	3,3,3	0.64	0	2,2,2	0.31	0
3	EDO	13-A	412	-	3,3,3	0.44	0	2,2,2	0.47	0
3	EDO	13-A	413	-	3,3,3	0.73	0	2,2,2	0.81	0
3	EDO	13-A	414	-	3,3,3	0.47	0	2,2,2	1.04	0
3	EDO	13-A	415	-	3,3,3	0.41	0	2,2,2	1.22	0
3	EDO	13-A	416	-	3,3,3	0.52	0	2,2,2	0.71	0
2	SO4	14-A	401	-	4,4,4	0.72	0	6,6,6	0.81	0
2	SO4	14-A	402	-	4,4,4	0.81	0	6,6,6	0.64	0
2	SO4	14-A	403	-	4,4,4	0.37	0	6,6,6	0.95	0
2	SO4	14-A	404	-	4,4,4	0.59	0	6,6,6	2.02	2 (33%)
3	EDO	14-A	405	-	3,3,3	0.65	0	2,2,2	0.77	0
3	EDO	14-A	406	-	3,3,3	0.67	0	2,2,2	0.33	0
3	EDO	14-A	407	-	3,3,3	0.66	0	2,2,2	0.68	0
3	EDO	14-A	408	-	3,3,3	0.37	0	2,2,2	0.77	0
3	EDO	14-A	409	-	3,3,3	0.59	0	2,2,2	0.23	0
3	EDO	14-A	410	-	3,3,3	0.81	0	2,2,2	0.37	0
3	EDO	14-A	411	-	3,3,3	0.62	0	2,2,2	0.13	0
3	EDO	14-A	412	-	3,3,3	0.29	0	2,2,2	0.66	0
3	EDO	14-A	413	-	3,3,3	0.38	0	2,2,2	0.75	0
3	EDO	14-A	414	-	3,3,3	0.82	0	2,2,2	1.20	0
3	EDO	14-A	415	-	3,3,3	0.76	0	2,2,2	0.77	0
3	EDO	14-A	416	-	3,3,3	1.05	0	2,2,2	0.80	0
2	SO4	15-A	401	-	4,4,4	0.49	0	6,6,6	0.72	0
2	SO4	15-A	402	-	4,4,4	0.32	0	6,6,6	0.36	0
2	SO4	15-A	403	-	4,4,4	0.26	0	6,6,6	0.35	0
2	SO4	15-A	404	-	4,4,4	1.13	0	6,6,6	0.79	0
3	EDO	15-A	405	-	3,3,3	1.01	0	2,2,2	1.00	0

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	# Z  > 2	Counts	RMSZ	# Z  > 2
3	EDO	15-A	406	-	3,3,3	0.48	0	2,2,2	0.33	0
3	EDO	15-A	407	-	3,3,3	0.57	0	2,2,2	0.59	0
3	EDO	15-A	408	-	3,3,3	0.77	0	2,2,2	0.20	0
3	EDO	15-A	409	-	3,3,3	0.64	0	2,2,2	0.46	0
3	EDO	15-A	410	-	3,3,3	0.42	0	2,2,2	1.39	0
3	EDO	15-A	411	-	3,3,3	0.33	0	2,2,2	1.47	1 (50%)
3	EDO	15-A	412	-	3,3,3	0.78	0	2,2,2	0.21	0
3	EDO	15-A	413	-	3,3,3	0.30	0	2,2,2	0.90	0
3	EDO	15-A	414	-	3,3,3	0.43	0	2,2,2	1.23	0
3	EDO	15-A	415	-	3,3,3	0.35	0	2,2,2	0.36	0
3	EDO	15-A	416	-	3,3,3	0.67	0	2,2,2	0.74	0
2	SO4	16-A	401	-	4,4,4	0.52	0	6,6,6	0.45	0
2	SO4	16-A	402	-	4,4,4	0.55	0	6,6,6	0.99	0
2	SO4	16-A	403	-	4,4,4	0.50	0	6,6,6	0.56	0
2	SO4	16-A	404	-	4,4,4	0.79	0	6,6,6	1.30	2 (33%)
3	EDO	16-A	405	-	3,3,3	0.38	0	2,2,2	0.92	0
3	EDO	16-A	406	-	3,3,3	0.85	0	2,2,2	1.29	0
3	EDO	16-A	407	-	3,3,3	0.43	0	2,2,2	1.19	0
3	EDO	16-A	408	-	3,3,3	0.44	0	2,2,2	0.84	0
3	EDO	16-A	409	-	3,3,3	0.60	0	2,2,2	0.03	0
3	EDO	16-A	410	-	3,3,3	0.43	0	2,2,2	0.93	0
3	EDO	16-A	411	-	3,3,3	0.28	0	2,2,2	1.38	0
3	EDO	16-A	412	-	3,3,3	0.76	0	2,2,2	0.13	0
3	EDO	16-A	413	-	3,3,3	0.49	0	2,2,2	0.54	0
3	EDO	16-A	414	-	3,3,3	0.30	0	2,2,2	0.92	0
3	EDO	16-A	415	-	3,3,3	0.52	0	2,2,2	0.38	0
3	EDO	16-A	416	-	3,3,3	0.58	0	2,2,2	0.23	0
2	SO4	17-A	401	-	4,4,4	0.49	0	6,6,6	0.37	0
2	SO4	17-A	402	-	4,4,4	0.31	0	6,6,6	0.56	0
2	SO4	17-A	403	-	4,4,4	0.21	0	6,6,6	0.32	0
2	SO4	17-A	404	-	4,4,4	0.87	0	6,6,6	0.73	0
3	EDO	17-A	405	-	3,3,3	0.42	0	2,2,2	0.24	0
3	EDO	17-A	406	-	3,3,3	0.14	0	2,2,2	1.26	0
3	EDO	17-A	407	-	3,3,3	0.66	0	2,2,2	0.63	0
3	EDO	17-A	408	-	3,3,3	0.77	0	2,2,2	0.20	0
3	EDO	17-A	409	-	3,3,3	0.38	0	2,2,2	0.51	0
3	EDO	17-A	410	-	3,3,3	0.21	0	2,2,2	1.03	0
3	EDO	17-A	411	-	3,3,3	0.64	0	2,2,2	0.98	0
3	EDO	17-A	412	-	3,3,3	0.67	0	2,2,2	0.10	0
3	EDO	17-A	413	-	3,3,3	0.44	0	2,2,2	1.18	0
3	EDO	17-A	414	-	3,3,3	0.39	0	2,2,2	1.03	0
3	EDO	17-A	415	-	3,3,3	1.08	0	2,2,2	0.82	0

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	# Z  > 2	Counts	RMSZ	# Z  > 2
3	EDO	17-A	416	-	3,3,3	0.60	0	2,2,2	0.34	0
2	SO4	18-A	401	-	4,4,4	0.77	0	6,6,6	0.98	0
2	SO4	18-A	402	-	4,4,4	0.36	0	6,6,6	0.71	0
2	SO4	18-A	403	-	4,4,4	0.38	0	6,6,6	0.81	0
2	SO4	18-A	404	-	4,4,4	0.42	0	6,6,6	1.21	1 (16%)
3	EDO	18-A	405	-	3,3,3	0.55	0	2,2,2	1.06	0
3	EDO	18-A	406	-	3,3,3	1.19	0	2,2,2	0.89	0
3	EDO	18-A	407	-	3,3,3	0.42	0	2,2,2	0.49	0
3	EDO	18-A	408	-	3,3,3	0.37	0	2,2,2	0.83	0
3	EDO	18-A	409	-	3,3,3	0.65	0	2,2,2	0.36	0
3	EDO	18-A	410	-	3,3,3	0.78	0	2,2,2	0.03	0
3	EDO	18-A	411	-	3,3,3	0.50	0	2,2,2	0.17	0
3	EDO	18-A	412	-	3,3,3	0.61	0	2,2,2	0.59	0
3	EDO	18-A	413	-	3,3,3	0.48	0	2,2,2	0.47	0
3	EDO	18-A	414	-	3,3,3	0.37	0	2,2,2	0.94	0
3	EDO	18-A	415	-	3,3,3	1.07	0	2,2,2	1.97	1 (50%)
3	EDO	18-A	416	-	3,3,3	0.79	0	2,2,2	1.22	0
2	SO4	19-A	401	-	4,4,4	0.48	0	6,6,6	0.60	0
2	SO4	19-A	402	-	4,4,4	0.45	0	6,6,6	0.81	0
2	SO4	19-A	403	-	4,4,4	0.32	0	6,6,6	1.35	1 (16%)
2	SO4	19-A	404	-	4,4,4	0.63	0	6,6,6	0.66	0
3	EDO	19-A	405	-	3,3,3	0.62	0	2,2,2	0.52	0
3	EDO	19-A	406	-	3,3,3	0.41	0	2,2,2	0.45	0
3	EDO	19-A	407	-	3,3,3	0.52	0	2,2,2	1.12	0
3	EDO	19-A	408	-	3,3,3	0.86	0	2,2,2	0.71	0
3	EDO	19-A	409	-	3,3,3	0.22	0	2,2,2	0.91	0
3	EDO	19-A	410	-	3,3,3	0.54	0	2,2,2	1.13	0
3	EDO	19-A	411	-	3,3,3	0.40	0	2,2,2	0.43	0
3	EDO	19-A	412	-	3,3,3	0.67	0	2,2,2	0.75	0
3	EDO	19-A	413	-	3,3,3	0.46	0	2,2,2	0.61	0
3	EDO	19-A	414	-	3,3,3	0.80	0	2,2,2	1.13	0
3	EDO	19-A	415	-	3,3,3	0.55	0	2,2,2	0.71	0
3	EDO	19-A	416	-	3,3,3	0.59	0	2,2,2	0.72	0
2	SO4	2-A	401	-	4,4,4	0.69	0	6,6,6	0.61	0
2	SO4	2-A	402	-	4,4,4	0.57	0	6,6,6	0.76	0
2	SO4	2-A	403	-	4,4,4	0.56	0	6,6,6	1.06	1 (16%)
2	SO4	2-A	404	-	4,4,4	0.13	0	6,6,6	0.70	0
3	EDO	2-A	405	-	3,3,3	0.50	0	2,2,2	0.21	0
3	EDO	2-A	406	-	3,3,3	0.23	0	2,2,2	1.24	0
3	EDO	2-A	407	-	3,3,3	0.68	0	2,2,2	0.22	0
3	EDO	2-A	408	-	3,3,3	0.60	0	2,2,2	0.24	0
3	EDO	2-A	409	-	3,3,3	0.60	0	2,2,2	0.11	0

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	# Z  > 2	Counts	RMSZ	# Z  > 2
3	EDO	2-A	410	-	3,3,3	0.68	0	2,2,2	0.29	0
3	EDO	2-A	411	-	3,3,3	0.73	0	2,2,2	0.63	0
3	EDO	2-A	412	-	3,3,3	0.46	0	2,2,2	0.58	0
3	EDO	2-A	413	-	3,3,3	0.67	0	2,2,2	0.18	0
3	EDO	2-A	414	-	3,3,3	0.35	0	2,2,2	1.23	0
3	EDO	2-A	415	-	3,3,3	0.51	0	2,2,2	0.37	0
3	EDO	2-A	416	-	3,3,3	0.38	0	2,2,2	0.25	0
2	SO4	20-A	401	-	4,4,4	0.52	0	6,6,6	1.21	1 (16%)
2	SO4	20-A	402	-	4,4,4	0.28	0	6,6,6	0.67	0
2	SO4	20-A	403	-	4,4,4	0.33	0	6,6,6	0.45	0
2	SO4	20-A	404	-	4,4,4	0.45	0	6,6,6	0.51	0
3	EDO	20-A	405	-	3,3,3	0.47	0	2,2,2	0.93	0
3	EDO	20-A	406	-	3,3,3	0.62	0	2,2,2	0.41	0
3	EDO	20-A	407	-	3,3,3	0.81	0	2,2,2	0.09	0
3	EDO	20-A	408	-	3,3,3	0.37	0	2,2,2	0.72	0
3	EDO	20-A	409	-	3,3,3	0.68	0	2,2,2	1.26	0
3	EDO	20-A	410	-	3,3,3	0.42	0	2,2,2	0.83	0
3	EDO	20-A	411	-	3,3,3	0.37	0	2,2,2	0.84	0
3	EDO	20-A	412	-	3,3,3	0.63	0	2,2,2	0.22	0
3	EDO	20-A	413	-	3,3,3	0.51	0	2,2,2	0.80	0
3	EDO	20-A	414	-	3,3,3	0.96	0	2,2,2	2.02	1 (50%)
3	EDO	20-A	415	-	3,3,3	0.56	0	2,2,2	0.42	0
3	EDO	20-A	416	-	3,3,3	1.79	1 (33%)	2,2,2	2.24	1 (50%)
2	SO4	3-A	401	-	4,4,4	0.53	0	6,6,6	0.49	0
2	SO4	3-A	402	-	4,4,4	0.08	0	6,6,6	0.60	0
2	SO4	3-A	403	-	4,4,4	0.51	0	6,6,6	0.51	0
2	SO4	3-A	404	-	4,4,4	0.45	0	6,6,6	1.21	1 (16%)
3	EDO	3-A	405	-	3,3,3	0.46	0	2,2,2	1.11	0
3	EDO	3-A	406	-	3,3,3	0.55	0	2,2,2	1.38	0
3	EDO	3-A	407	-	3,3,3	0.64	0	2,2,2	1.47	0
3	EDO	3-A	408	-	3,3,3	0.44	0	2,2,2	0.38	0
3	EDO	3-A	409	-	3,3,3	0.42	0	2,2,2	0.67	0
3	EDO	3-A	410	-	3,3,3	0.48	0	2,2,2	1.01	0
3	EDO	3-A	411	-	3,3,3	0.52	0	2,2,2	0.84	0
3	EDO	3-A	412	-	3,3,3	0.43	0	2,2,2	1.04	0
3	EDO	3-A	413	-	3,3,3	0.75	0	2,2,2	0.09	0
3	EDO	3-A	414	-	3,3,3	0.50	0	2,2,2	1.24	0
3	EDO	3-A	415	-	3,3,3	0.85	0	2,2,2	1.20	0
3	EDO	3-A	416	-	3,3,3	0.66	0	2,2,2	0.71	0
2	SO4	4-A	401	-	4,4,4	0.23	0	6,6,6	0.62	0
2	SO4	4-A	402	-	4,4,4	0.31	0	6,6,6	0.65	0
2	SO4	4-A	403	-	4,4,4	0.26	0	6,6,6	0.50	0



Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	# Z  > 2	Counts	RMSZ	# Z  > 2
2	SO4	4-A	404	-	4,4,4	0.35	0	6,6,6	0.93	0
3	EDO	4-A	405	-	3,3,3	1.38	1 (33%)	2,2,2	0.31	0
3	EDO	4-A	406	-	3,3,3	0.78	0	2,2,2	0.05	0
3	EDO	4-A	407	-	3,3,3	0.31	0	2,2,2	0.27	0
3	EDO	4-A	408	-	3,3,3	0.66	0	2,2,2	0.28	0
3	EDO	4-A	409	-	3,3,3	0.46	0	2,2,2	0.44	0
3	EDO	4-A	410	-	3,3,3	0.92	0	2,2,2	0.36	0
3	EDO	4-A	411	-	3,3,3	0.30	0	2,2,2	1.33	0
3	EDO	4-A	412	-	3,3,3	0.51	0	2,2,2	0.74	0
3	EDO	4-A	413	-	3,3,3	0.49	0	2,2,2	0.62	0
3	EDO	4-A	414	-	3,3,3	0.89	0	2,2,2	1.78	1 (50%)
3	EDO	4-A	415	-	3,3,3	0.44	0	2,2,2	0.28	0
3	EDO	4-A	416	-	3,3,3	0.53	0	2,2,2	0.37	0
2	SO4	5-A	401	-	4,4,4	0.38	0	6,6,6	0.78	0
2	SO4	5-A	402	-	4,4,4	0.42	0	6,6,6	1.39	1 (16%)
2	SO4	5-A	403	-	4,4,4	0.42	0	6,6,6	1.22	1 (16%)
2	SO4	5-A	404	-	4,4,4	0.90	0	6,6,6	1.21	1 (16%)
3	EDO	5-A	405	-	3,3,3	0.48	0	2,2,2	1.00	0
3	EDO	5-A	406	-	3,3,3	0.64	0	2,2,2	0.79	0
3	EDO	5-A	407	-	3,3,3	0.45	0	2,2,2	0.33	0
3	EDO	5-A	408	-	3,3,3	0.26	0	2,2,2	0.85	0
3	EDO	5-A	409	-	3,3,3	0.28	0	2,2,2	0.29	0
3	EDO	5-A	410	-	3,3,3	0.72	0	2,2,2	0.30	0
3	EDO	5-A	411	-	3,3,3	0.41	0	2,2,2	0.03	0
3	EDO	5-A	412	-	3,3,3	1.03	0	2,2,2	0.84	0
3	EDO	5-A	413	-	3,3,3	0.55	0	2,2,2	0.70	0
3	EDO	5-A	414	-	3,3,3	0.46	0	2,2,2	1.12	0
3	EDO	5-A	415	-	3,3,3	0.84	0	2,2,2	0.17	0
3	EDO	5-A	416	-	3,3,3	0.55	0	2,2,2	0.54	0
2	SO4	6-A	401	-	4,4,4	0.78	0	6,6,6	0.72	0
2	SO4	6-A	402	-	4,4,4	0.55	0	6,6,6	0.25	0
2	SO4	6-A	403	-	4,4,4	0.31	0	6,6,6	0.75	0
2	SO4	6-A	404	-	4,4,4	0.48	0	6,6,6	1.24	1 (16%)
3	EDO	6-A	405	-	3,3,3	0.39	0	2,2,2	0.69	0
3	EDO	6-A	406	-	3,3,3	0.37	0	2,2,2	1.04	0
3	EDO	6-A	407	-	3,3,3	0.58	0	2,2,2	0.17	0
3	EDO	6-A	408	-	3,3,3	0.56	0	2,2,2	0.62	0
3	EDO	6-A	409	-	3,3,3	0.31	0	2,2,2	0.97	0
3	EDO	6-A	410	-	3,3,3	0.77	0	2,2,2	0.30	0
3	EDO	6-A	411	-	3,3,3	0.62	0	2,2,2	0.89	0
3	EDO	6-A	412	-	3,3,3	0.38	0	2,2,2	0.50	0
3	EDO	6-A	413	-	3,3,3	0.49	0	2,2,2	1.30	0

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	# Z  > 2	Counts	RMSZ	# Z  > 2
3	EDO	6-A	414	-	3,3,3	0.42	0	2,2,2	0.95	0
3	EDO	6-A	415	-	3,3,3	0.56	0	2,2,2	0.46	0
3	EDO	6-A	416	-	3,3,3	0.56	0	2,2,2	0.53	0
2	SO4	7-A	401	-	4,4,4	0.17	0	6,6,6	0.71	0
2	SO4	7-A	402	-	4,4,4	0.17	0	6,6,6	0.50	0
2	SO4	7-A	403	-	4,4,4	0.51	0	6,6,6	1.32	1 (16%)
2	SO4	7-A	404	-	4,4,4	0.34	0	6,6,6	0.57	0
3	EDO	7-A	405	-	3,3,3	0.41	0	2,2,2	0.63	0
3	EDO	7-A	406	-	3,3,3	0.27	0	2,2,2	0.91	0
3	EDO	7-A	407	-	3,3,3	0.56	0	2,2,2	0.66	0
3	EDO	7-A	408	-	3,3,3	0.91	0	2,2,2	0.79	0
3	EDO	7-A	409	-	3,3,3	0.72	0	2,2,2	0.29	0
3	EDO	7-A	410	-	3,3,3	0.34	0	2,2,2	0.56	0
3	EDO	7-A	411	-	3,3,3	0.51	0	2,2,2	0.41	0
3	EDO	7-A	412	-	3,3,3	0.53	0	2,2,2	1.04	0
3	EDO	7-A	413	-	3,3,3	0.45	0	2,2,2	0.73	0
3	EDO	7-A	414	-	3,3,3	0.37	0	2,2,2	0.80	0
3	EDO	7-A	415	-	3,3,3	0.86	0	2,2,2	0.18	0
3	EDO	7-A	416	-	3,3,3	0.75	0	2,2,2	0.06	0
2	SO4	8-A	401	-	4,4,4	0.75	0	6,6,6	0.81	0
2	SO4	8-A	402	-	4,4,4	0.16	0	6,6,6	0.60	0
2	SO4	8-A	403	-	4,4,4	0.27	0	6,6,6	0.90	0
2	SO4	8-A	404	-	4,4,4	0.29	0	6,6,6	0.63	0
3	EDO	8-A	405	-	3,3,3	0.84	0	2,2,2	0.65	0
3	EDO	8-A	406	-	3,3,3	0.53	0	2,2,2	0.41	0
3	EDO	8-A	407	-	3,3,3	0.70	0	2,2,2	0.03	0
3	EDO	8-A	408	-	3,3,3	0.35	0	2,2,2	0.91	0
3	EDO	8-A	409	-	3,3,3	0.52	0	2,2,2	0.36	0
3	EDO	8-A	410	-	3,3,3	0.70	0	2,2,2	0.71	0
3	EDO	8-A	411	-	3,3,3	0.58	0	2,2,2	0.49	0
3	EDO	8-A	412	-	3,3,3	0.68	0	2,2,2	0.53	0
3	EDO	8-A	413	-	3,3,3	0.30	0	2,2,2	0.71	0
3	EDO	8-A	414	-	3,3,3	0.42	0	2,2,2	0.25	0
3	EDO	8-A	415	-	3,3,3	0.78	0	2,2,2	0.48	0
3	EDO	8-A	416	-	3,3,3	0.71	0	2,2,2	0.10	0
2	SO4	9-A	401	-	4,4,4	0.65	0	6,6,6	0.87	0
2	SO4	9-A	402	-	4,4,4	0.22	0	6,6,6	0.58	0
2	SO4	9-A	403	-	4,4,4	0.29	0	6,6,6	1.23	1 (16%)
2	SO4	9-A	404	-	4,4,4	0.48	0	6,6,6	1.27	1 (16%)
3	EDO	9-A	405	-	3,3,3	0.43	0	2,2,2	0.34	0
3	EDO	9-A	406	-	3,3,3	0.41	0	2,2,2	1.72	1 (50%)
3	EDO	9-A	407	-	3,3,3	0.59	0	2,2,2	0.64	0

Mol	Type	Chain	Res	Link	Bond lengths			Bond angles		
					Counts	RMSZ	# Z  > 2	Counts	RMSZ	# Z  > 2
3	EDO	9-A	408	-	3,3,3	0.57	0	2,2,2	0.49	0
3	EDO	9-A	409	-	3,3,3	0.43	0	2,2,2	0.89	0
3	EDO	9-A	410	-	3,3,3	0.51	0	2,2,2	1.35	0
3	EDO	9-A	411	-	3,3,3	0.71	0	2,2,2	0.41	0
3	EDO	9-A	412	-	3,3,3	0.53	0	2,2,2	0.35	0
3	EDO	9-A	413	-	3,3,3	0.52	0	2,2,2	1.00	0
3	EDO	9-A	414	-	3,3,3	0.61	0	2,2,2	0.82	0
3	EDO	9-A	415	-	3,3,3	0.57	0	2,2,2	0.17	0
3	EDO	9-A	416	-	3,3,3	0.93	0	2,2,2	0.30	0

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
2	SO4	1-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	1-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	1-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	1-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	1-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	1-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	1-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	1-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	1-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	1-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	1-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	1-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	1-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	1-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	1-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	1-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	10-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	10-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	10-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	10-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	10-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	10-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	10-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	10-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	10-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	10-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	10-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
3	EDO	10-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	10-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	10-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	10-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	10-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	11-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	11-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	11-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	11-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	11-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	11-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	11-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	11-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	11-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	11-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	11-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	11-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	11-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	11-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	11-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	11-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	12-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	12-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	12-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	12-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	12-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	12-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	12-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	12-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	12-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	12-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	12-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	12-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	12-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	12-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	12-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	12-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	13-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	13-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	13-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	13-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	13-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
3	EDO	13-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	13-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	13-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	13-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	13-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	13-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	13-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	13-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	13-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	13-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	13-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	14-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	14-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	14-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	14-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	14-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	14-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	14-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	14-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	14-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	14-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	14-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	14-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	14-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	14-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	14-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	14-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	15-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	15-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	15-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	15-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	15-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	15-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	15-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	15-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	15-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	15-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	15-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	15-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	15-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	15-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	15-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
3	EDO	15-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	16-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	16-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	16-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	16-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	16-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	16-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	16-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	16-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	16-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	16-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	16-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	16-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	16-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	16-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	16-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	16-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	17-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	17-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	17-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	17-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	17-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	17-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	17-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	17-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	17-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	17-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	17-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	17-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	17-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	17-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	17-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	17-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	18-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	18-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	18-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	18-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	18-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	18-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	18-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	18-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	18-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
3	EDO	18-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	18-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	18-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	18-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	18-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	18-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	18-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	19-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	19-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	19-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	19-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	19-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	19-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	19-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	19-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	19-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	19-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	19-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	19-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	19-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	19-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	19-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	19-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	2-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	2-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	2-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	2-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	2-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	2-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	2-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	2-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	2-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	2-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	2-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	2-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	2-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	2-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	2-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	2-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	20-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	20-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	20-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
2	SO4	20-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	20-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	20-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	20-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	20-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	20-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	20-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	20-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	20-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	20-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	20-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	20-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	20-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	3-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	3-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	3-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	3-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	3-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	3-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	3-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	3-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	3-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	3-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	3-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	3-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	3-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	3-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	3-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	3-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	4-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	4-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	4-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	4-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	4-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	4-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	4-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	4-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	4-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	4-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	4-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	4-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	4-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0

*Continued on next page...*



*Continued from previous page...*

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
3	EDO	4-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	4-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	4-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	5-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	5-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	5-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	5-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	5-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	5-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	5-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	5-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	5-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	5-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	5-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	5-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	5-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	5-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	5-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	5-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	6-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	6-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	6-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	6-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	6-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	6-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	6-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	6-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	6-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	6-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	6-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	6-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	6-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	6-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	6-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	6-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	7-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	7-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	7-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	7-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	7-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	7-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	7-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0

*Continued on next page...*

*Continued from previous page...*

Mol	Type	Chain	Res	Link	Chirals	Torsions	Rings
3	EDO	7-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	7-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	7-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	7-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	7-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	7-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	7-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	7-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	7-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	8-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	8-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	8-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	8-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	8-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	8-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	8-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	8-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	8-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	8-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	8-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	8-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	8-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	8-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	8-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	8-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
2	SO4	9-A	401	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	9-A	402	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	9-A	403	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
2	SO4	9-A	404	-	-	0/0/0/0	0/0/0/0
3	EDO	9-A	405	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	9-A	406	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	9-A	407	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	9-A	408	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	9-A	409	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	9-A	410	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	9-A	411	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	9-A	412	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	9-A	413	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	9-A	414	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	9-A	415	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0
3	EDO	9-A	416	-	-	0/1/1/1	0/0/0/0

All (2) bond length outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(Å)	Ideal(Å)
3	4-A	405	EDO	O2-C2	2.15	1.53	1.42
3	20-A	416	EDO	O1-C1	2.33	1.54	1.42

All (30) bond angle outliers are listed below:

Mol	Chain	Res	Type	Atoms	Z	Observed(°)	Ideal(°)
2	1-A	402	SO4	O2-S-O1	-3.31	99.01	109.50
2	14-A	404	SO4	O4-S-O3	-3.23	95.83	108.98
2	5-A	402	SO4	O2-S-O1	-2.78	100.68	109.50
3	13-A	406	EDO	O1-C1-C2	-2.68	93.30	112.54
2	18-A	404	SO4	O2-S-O1	-2.50	101.59	109.50
3	11-A	410	EDO	O1-C1-C2	-2.45	95.00	112.54
2	2-A	403	SO4	O2-S-O1	-2.43	101.80	109.50
2	3-A	404	SO4	O2-S-O1	-2.42	101.83	109.50
2	9-A	404	SO4	O2-S-O1	-2.38	101.96	109.50
3	9-A	406	EDO	O2-C2-C1	-2.25	96.43	112.54
2	13-A	401	SO4	O2-S-O1	-2.19	102.56	109.50
3	12-A	410	EDO	O1-C1-C2	-2.14	97.17	112.54
2	16-A	404	SO4	O2-S-O1	-2.12	102.78	109.50
3	15-A	411	EDO	O1-C1-C2	-2.02	98.04	112.54
2	16-A	404	SO4	O4-S-O3	2.04	117.28	108.98
3	4-A	414	EDO	O1-C1-C2	2.04	127.19	112.54
2	1-A	401	SO4	O2-S-O1	2.14	116.29	109.50
2	12-A	401	SO4	O2-S-O1	2.16	116.33	109.50
2	12-A	403	SO4	O2-S-O1	2.22	116.53	109.50
2	5-A	404	SO4	O4-S-O2	2.26	131.21	110.19
2	5-A	403	SO4	O4-S-O3	2.34	118.49	108.98
2	20-A	401	SO4	O2-S-O1	2.38	117.05	109.50
3	20-A	414	EDO	O1-C1-C2	2.40	129.74	112.54
2	6-A	404	SO4	O2-S-O1	2.55	117.59	109.50
3	20-A	416	EDO	O2-C2-C1	2.63	131.41	112.54
3	18-A	415	EDO	O1-C1-C2	2.71	131.94	112.54
2	9-A	403	SO4	O2-S-O1	2.76	118.25	109.50
2	19-A	403	SO4	O2-S-O1	2.83	118.48	109.50
2	7-A	403	SO4	O2-S-O1	3.14	119.44	109.50
2	14-A	404	SO4	O2-S-O1	3.69	121.20	109.50

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 [i](#)

There are no such residues in this entry.

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

There are no chain breaks in this entry.

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

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

EDS failed to run properly - this section will therefore be empty.

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

EDS failed to run properly - this section will therefore be empty.

### 6.3 Carbohydrates [i](#)

EDS failed to run properly - this section will therefore be empty.

### 6.4 Ligands [i](#)

EDS failed to run properly - this section will therefore be empty.

### 6.5 Other polymers [i](#)

EDS failed to run properly - this section will therefore be empty.