



wwPDB EM Validation Summary Report ⓘ

Jul 15, 2024 – 09:22 am BST

PDB ID : 7ZTS
EMDB ID : EMD-14963
Title : Saccharomyces cerevisiae L-BC virus, open particle, asymmetric reconstruction
Authors : Grybchuk, D.; Prochazkova, M.; Fuzik, T.; Konovalovas, A.; Serva, S.; Yurchenko, V.; Plevka, P.
Deposited on : 2022-05-11
Resolution : 16.00 Å(reported)

This is a wwPDB EM Validation Summary Report for a publicly released PDB entry.

We welcome your comments at validation@mail.wwpdb.org

A user guide is available at

<https://www.wwpdb.org/validation/2017/EMValidationReportHelp>
with specific help available everywhere you see the ⓘ symbol.

The types of validation reports are described at

<http://www.wwpdb.org/validation/2017/FAQs#types>.

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

EMDB validation analysis : 0.0.1.dev92
MolProbity : 4.02b-467
Percentile statistics : 20191225.v01 (using entries in the PDB archive December 25th 2019)
MapQ : 1.9.13
Ideal geometry (proteins) : Engh & Huber (2001)
Ideal geometry (DNA, RNA) : Parkinson et al. (1996)
Validation Pipeline (wwPDB-VP) : 2.37.1

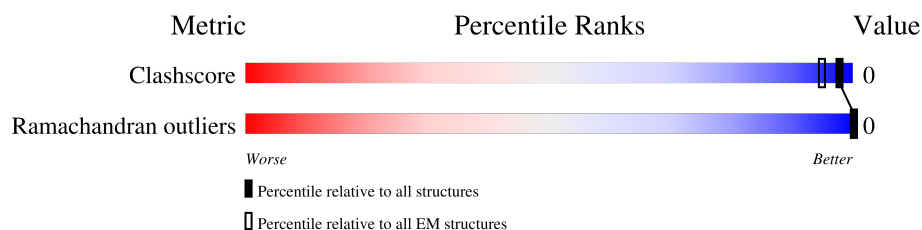
1 Overall quality at a glance

The following experimental techniques were used to determine the structure:

ELECTRON MICROSCOPY

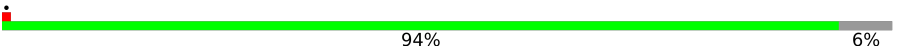
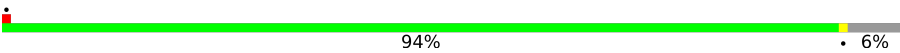
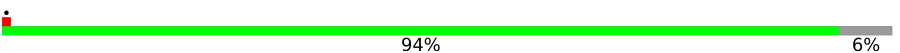
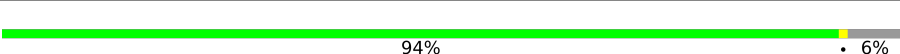
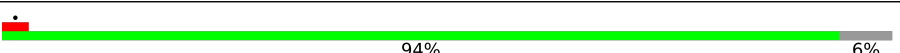
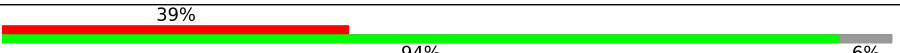
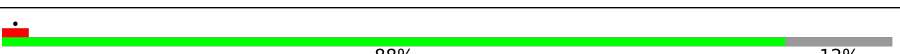
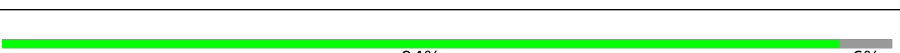
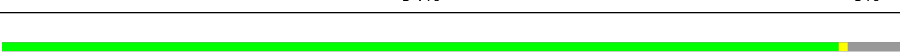
The reported resolution of this entry is 16.00 Å.

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	158937	4297
Ramachandran outliers	154571	4023

The table below summarises the geometric issues observed across the polymeric chains and their fit to the map. The red, orange, yellow and green segments of the bar indicate the fraction of residues that contain outliers for ≥ 3 , 2, 1 and 0 types of geometric quality criteria respectively. A grey segment represents the fraction of residues that are not modelled. The numeric value for each fraction is indicated below the corresponding segment, with a dot representing fractions $\leq 5\%$. The upper red bar (where present) indicates the fraction of residues that have poor fit to the EM map (all-atom inclusion $< 40\%$). The numeric value is given above the bar.

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	AA	697	 94% 6%
1	AB	697	 94% • 6%
1	AC	697	 94% 6%
1	AD	697	 94% • 6%
1	AE	697	 94% 6%
1	AF	697	 39% 94% 6%
1	AG	697	 88% 12%
1	AH	697	 94% 6%
1	AI	697	 94% • 6%

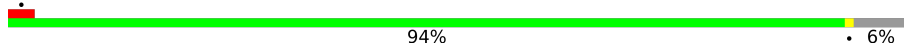
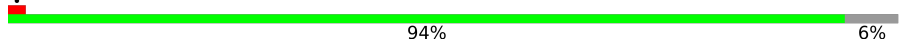
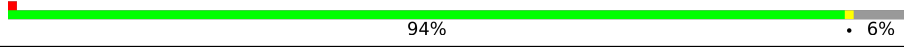
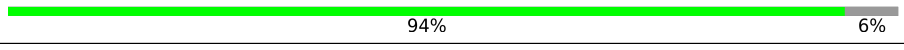
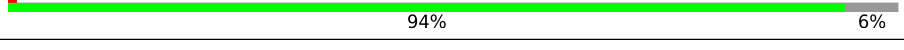
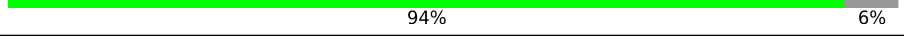
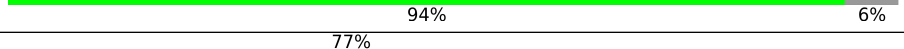
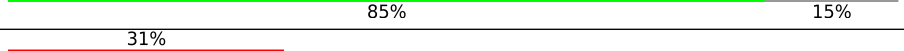

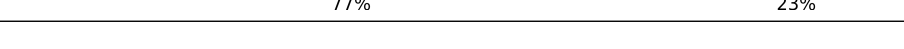
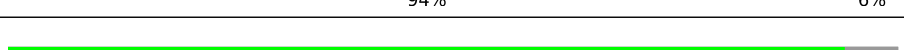
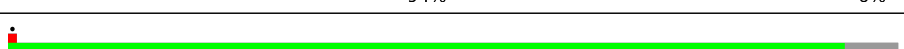
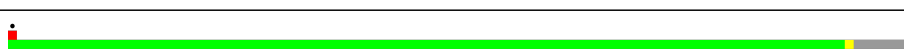
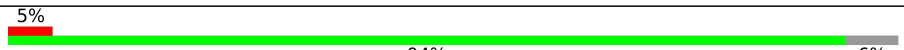
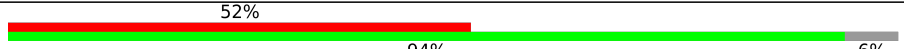


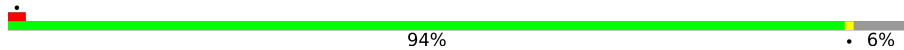
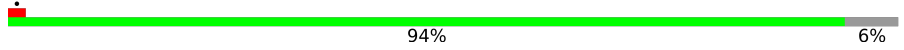
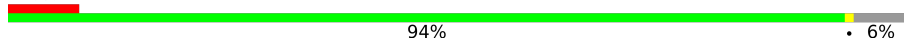
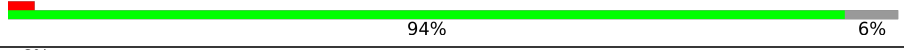
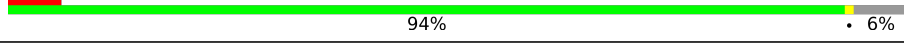
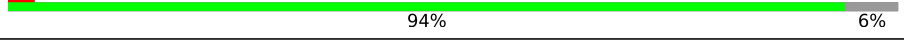
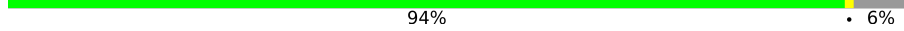

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	AJ	697	
1	AK	697	
1	AL	697	
1	AM	697	
1	AN	697	
1	AO	697	
1	AP	697	
1	AQ	697	
1	AR	697	
1	AS	697	
1	AT	697	
1	AU	697	
1	AV	697	
1	AW	697	
1	AX	697	
1	AY	697	
1	AZ	697	
1	BA	697	
1	BB	697	
1	BC	697	
1	BD	697	
1	BE	697	
1	BF	697	
1	BG	697	
1	BH	697	

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	BI	697	
1	BJ	697	
1	BK	697	
1	BL	697	
1	BM	697	
1	BN	697	
1	BO	697	
1	BP	697	
1	BQ	697	
1	BR	697	
1	BS	697	
1	BT	697	
1	BU	697	
1	BV	697	
1	BW	697	
1	BX	697	
1	BY	697	
1	BZ	697	
1	CA	697	
1	CB	697	
1	CC	697	
1	CD	697	
1	CE	697	
1	CF	697	
1	CG	697	

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	CH	697	
1	CI	697	
1	CJ	697	
1	CK	697	
1	CL	697	
1	CM	697	
1	CN	697	
1	CO	697	
1	CP	697	
1	CQ	697	
1	CR	697	
1	CS	697	
1	CT	697	
1	CU	697	
1	CV	697	
1	CW	697	
1	CX	697	
1	CY	697	
1	CZ	697	
1	DA	697	
1	DB	697	
1	DC	697	
1	DD	697	
1	DE	697	
1	DF	697	

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	DG	697	
1	DH	697	
1	DI	697	
1	DJ	697	
1	DK	697	
1	DL	697	
1	DM	697	
1	DN	697	
1	DO	697	
1	DP	697	
1	DQ	697	
1	DR	697	
1	DS	697	
1	DT	697	
1	DU	697	
1	DV	697	
1	DW	697	
1	DX	697	
1	DY	697	
1	DZ	697	
1	EA	697	
1	EB	697	
1	EC	697	
1	ED	697	
1	EE	697	

Continued on next page...

Mol	Chain	Length	Quality of chain
1	EF	697	<div> <div>70%</div> <div>77%</div> <div>23%</div> </div>

2 Entry composition

There is only 1 type of molecule in this entry. The entry contains 280400 atoms, of which 0 are hydrogens and 0 are deuteriums.

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

- Molecule 1 is a protein called Major capsid protein.

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
1	AA	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	AB	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	AC	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	AD	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	AE	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	AF	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	AG	613	Total	C	N	O	0	0
			2452	1226	613	613		
1	AH	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	AI	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	AJ	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	AK	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	AL	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	AM	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	AN	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	AO	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	AP	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	AQ	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
1	AR	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	AS	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	AT	593	Total	C	N	O	0	0
			2372	1186	593	593		
1	AU	422	Total	C	N	O	1	0
			1692	846	423	423		
1	AV	538	Total	C	N	O	0	0
			2152	1076	538	538		
1	AW	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	AX	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	AY	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	AZ	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	BA	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	BB	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	BC	613	Total	C	N	O	0	0
			2452	1226	613	613		
1	BD	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	BE	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	BF	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	BG	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	BH	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	BI	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	BJ	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	BK	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	BL	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
1	BM	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	BN	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	BO	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	BP	593	Total	C	N	O	0	0
			2372	1186	593	593		
1	BQ	422	Total	C	N	O	1	0
			1692	846	423	423		
1	BR	538	Total	C	N	O	0	0
			2152	1076	538	538		
1	BS	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	BT	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	BU	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	BV	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	BW	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	BX	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	BY	613	Total	C	N	O	0	0
			2452	1226	613	613		
1	BZ	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	CA	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	CB	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	CC	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	CD	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	CE	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	CF	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	CG	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
1	CH	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	CI	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	CJ	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	CK	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	CL	593	Total	C	N	O	0	0
			2372	1186	593	593		
1	CM	422	Total	C	N	O	1	0
			1692	846	423	423		
1	CN	538	Total	C	N	O	0	0
			2152	1076	538	538		
1	CO	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	CP	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	CQ	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	CR	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	CS	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	CT	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	CU	613	Total	C	N	O	0	0
			2452	1226	613	613		
1	CV	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	CW	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	CX	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	CY	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	CZ	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	DA	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	DB	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
1	DC	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	DD	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	DE	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	DF	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	DG	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	DH	593	Total	C	N	O	0	0
			2372	1186	593	593		
1	DI	422	Total	C	N	O	1	0
			1692	846	423	423		
1	DJ	538	Total	C	N	O	0	0
			2152	1076	538	538		
1	DK	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	DL	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	DM	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	DN	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	DO	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	DP	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	DQ	613	Total	C	N	O	0	0
			2452	1226	613	613		
1	DR	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	DS	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	DT	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	DU	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	DV	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	DW	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		

Continued on next page...

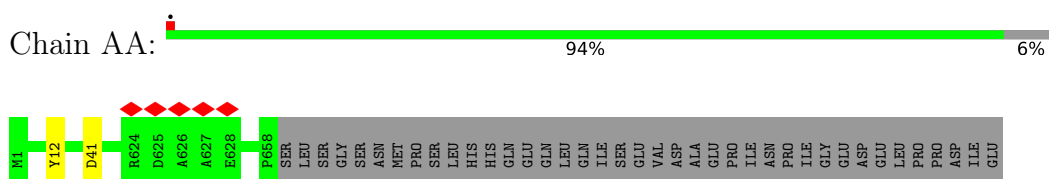
Continued from previous page...

Mol	Chain	Residues	Atoms				AltConf	Trace
1	DX	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	DY	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	DZ	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	EA	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	EB	658	Total	C	N	O	1	0
			2636	1318	659	659		
1	EC	658	Total	C	N	O	0	0
			2632	1316	658	658		
1	ED	593	Total	C	N	O	0	0
			2372	1186	593	593		
1	EE	422	Total	C	N	O	1	0
			1692	846	423	423		
1	EF	538	Total	C	N	O	0	0
			2152	1076	538	538		

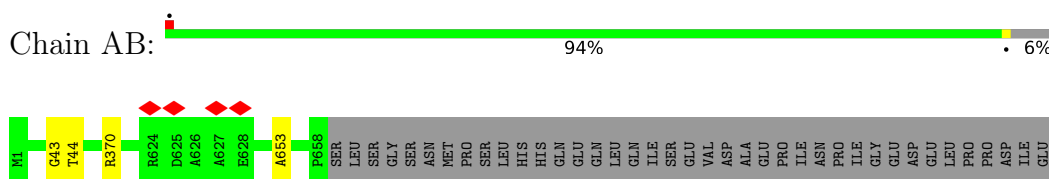
3 Residue-property plots

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

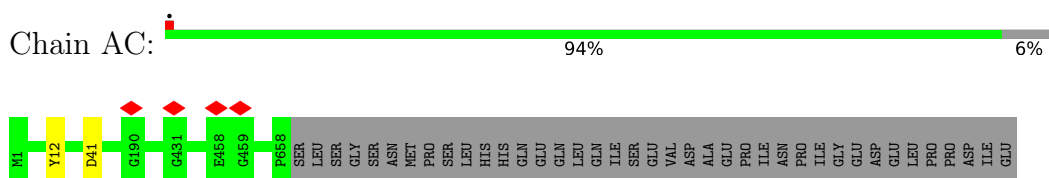
- Molecule 1: Major capsid protein



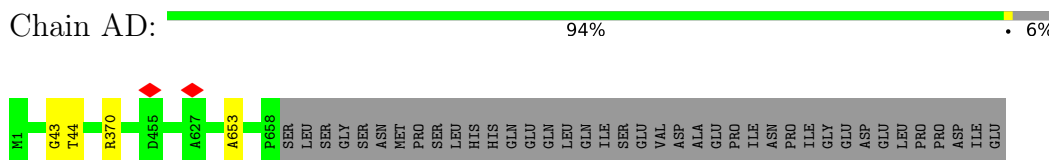
- Molecule 1: Major capsid protein



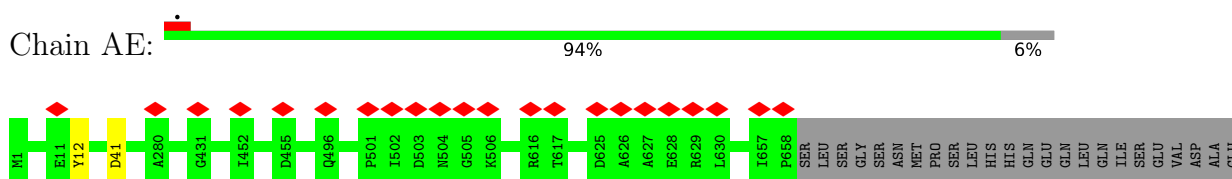
- Molecule 1: Major capsid protein



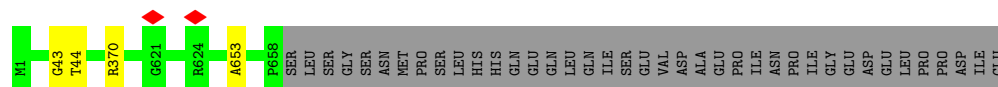
- Molecule 1: Major capsid protein



- Molecule 1: Major capsid protein

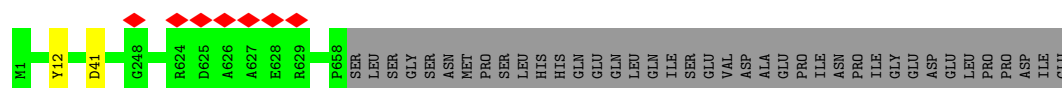


Chain AI:  94% 6%



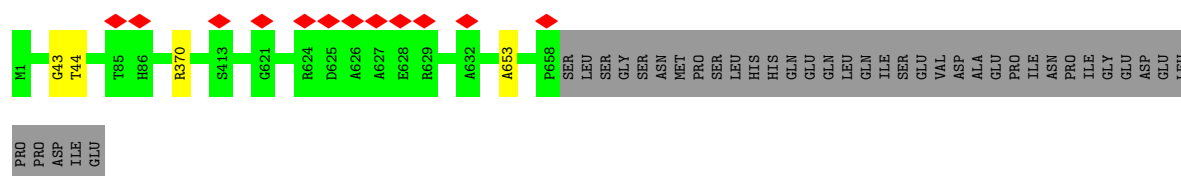
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AJ:  94% 6%



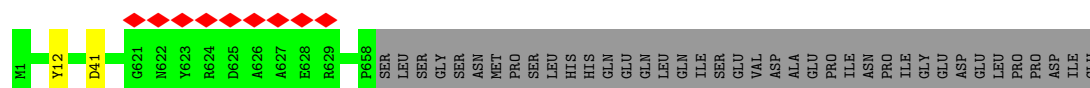
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AK:  94% 6%



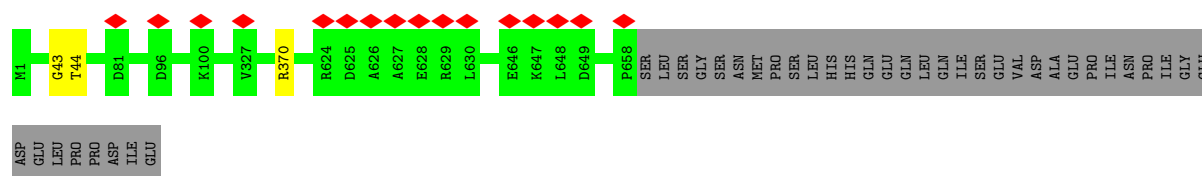
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AL:  94% 6%



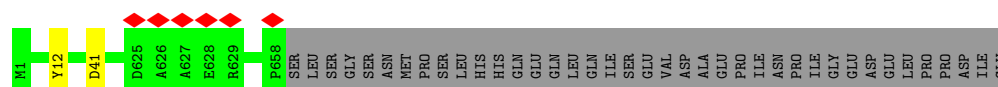
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AM:  94% 6%



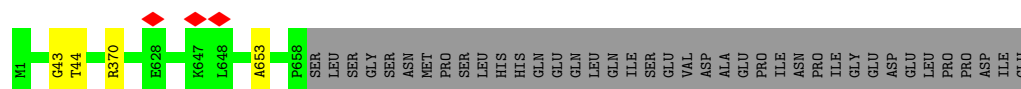
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AN:  94% 6%



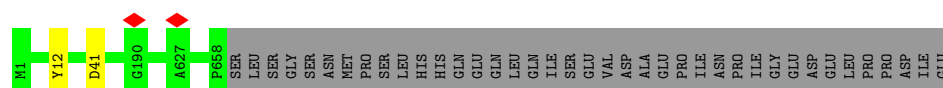
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AO:  94% 6%



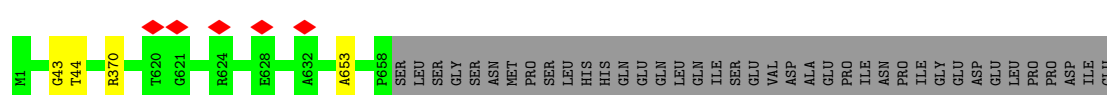
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AP:  94% 6%



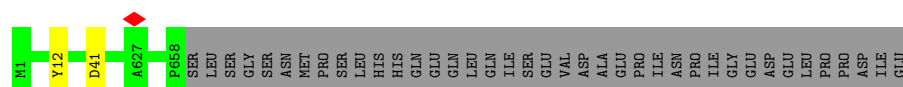
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AQ:  94% 6%



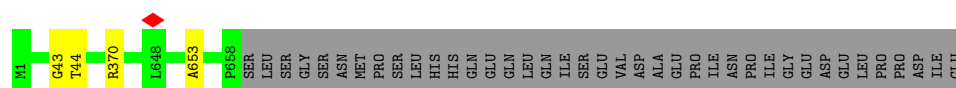
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AR:  94% 6%




- Molecule 1: Major capsid protein

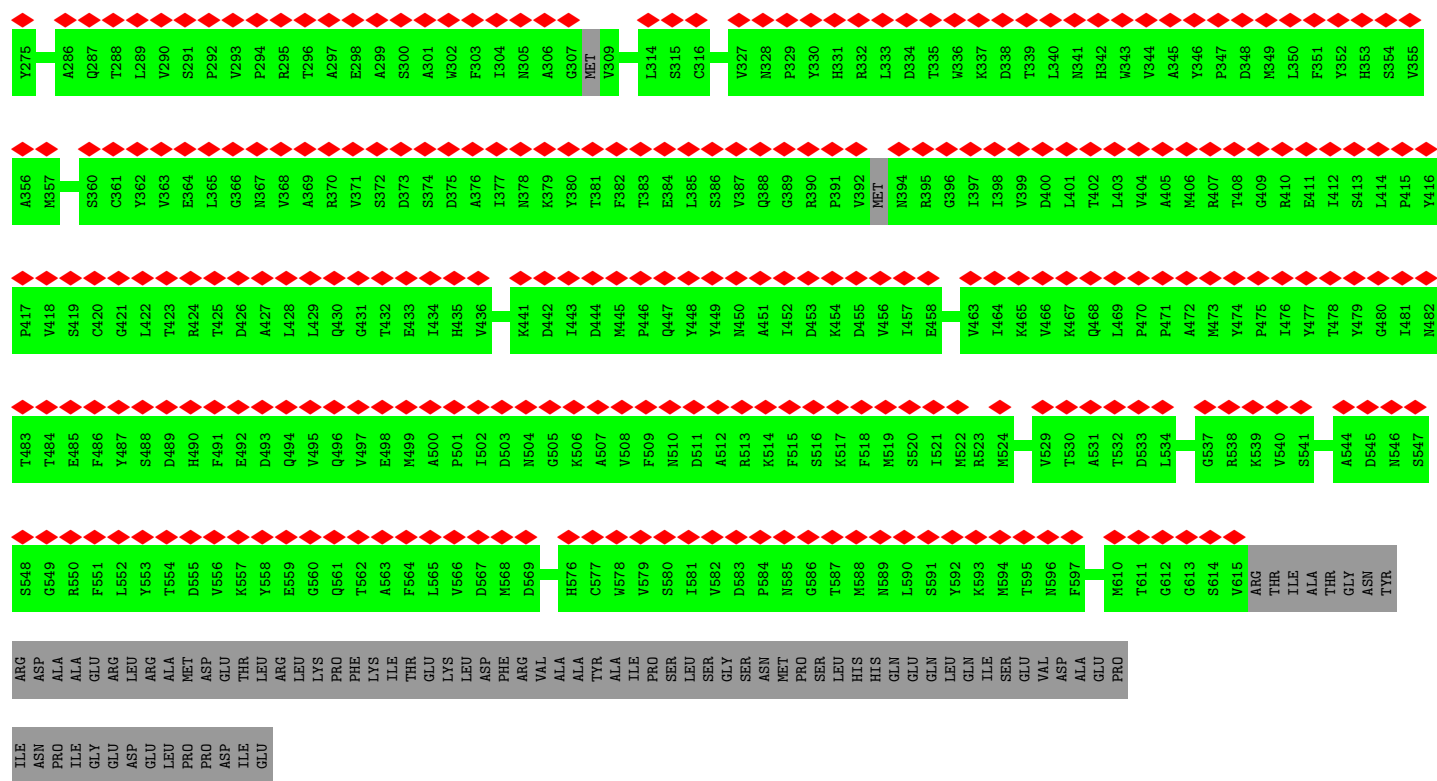
Chain AS:  94% 6%



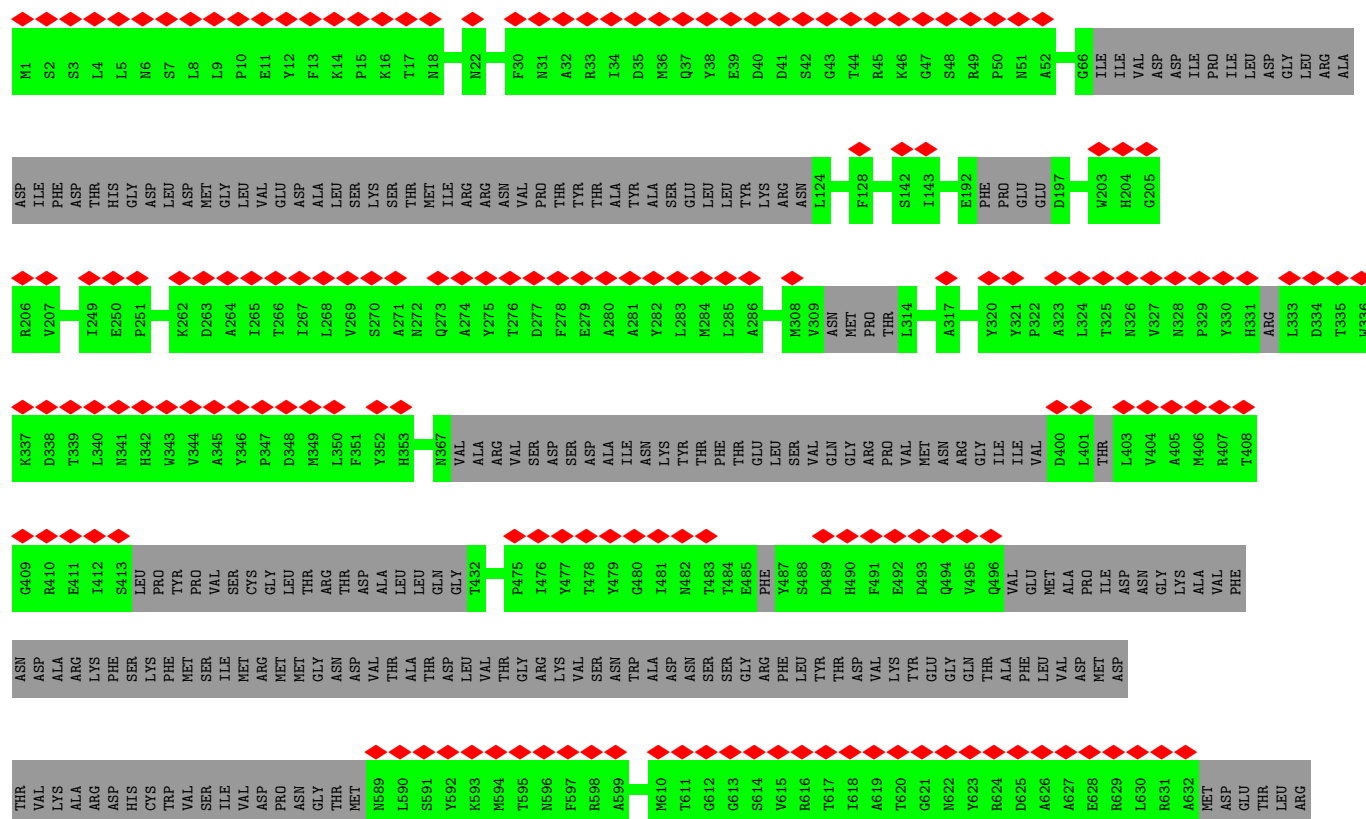
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AT:  60% 85% 15%

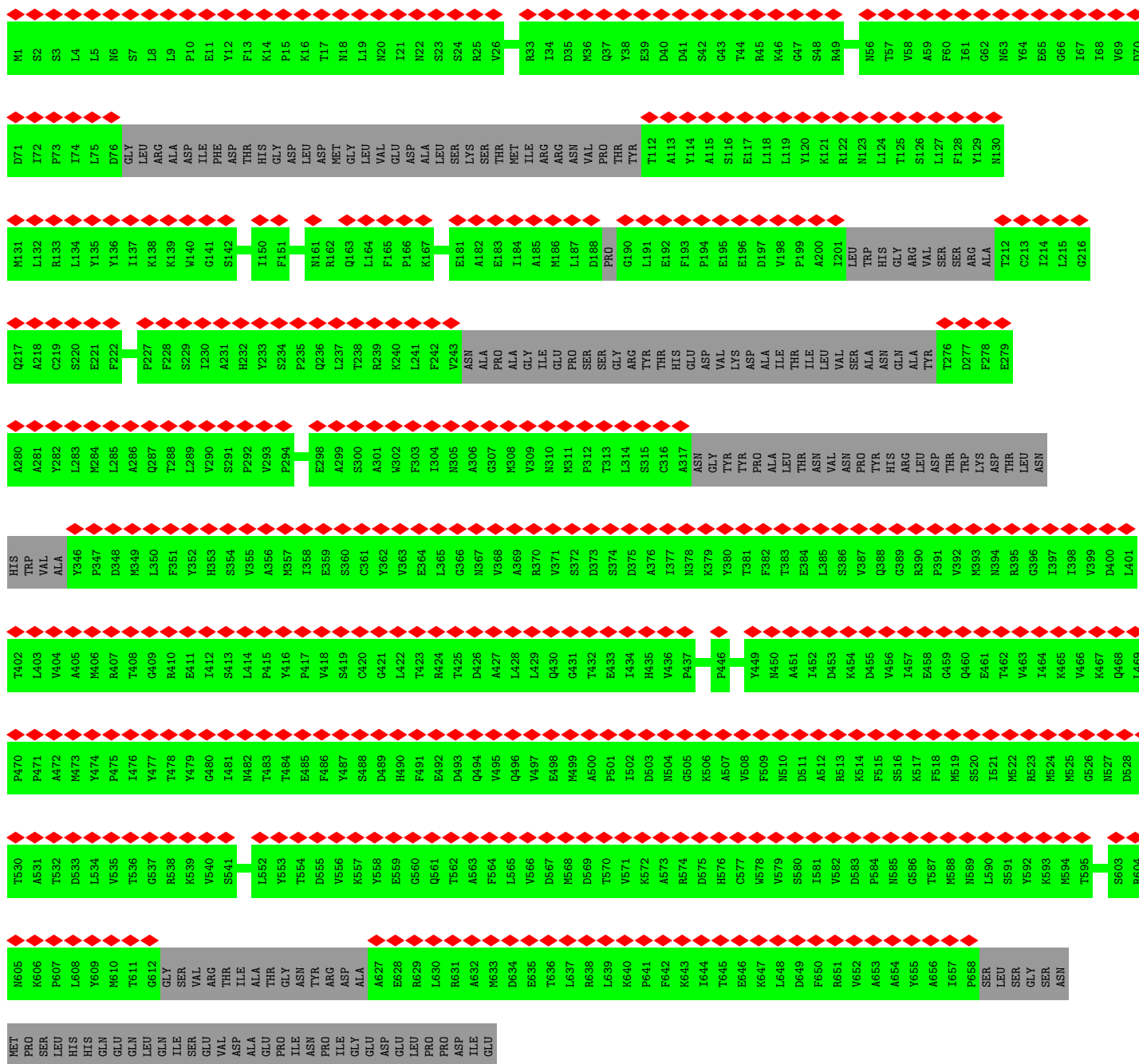
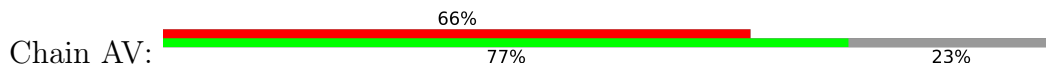




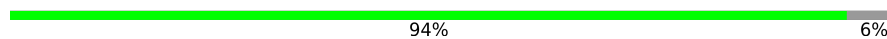
• Molecule 1: Major capsid protein

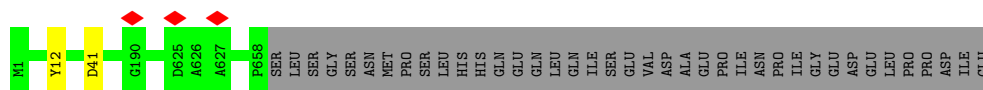


Chain AV:



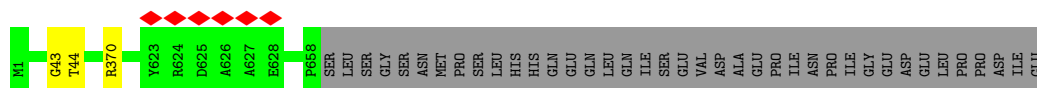
Chain AW:





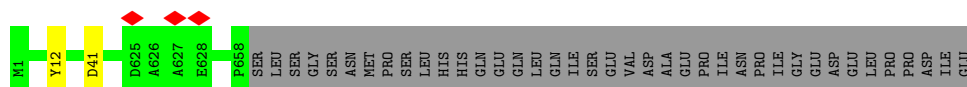
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AX: 94% 6%



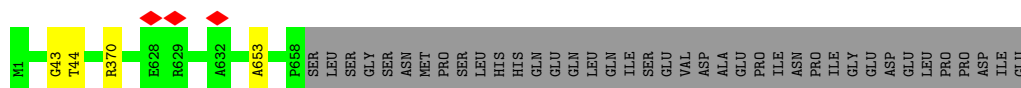
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AY: 94% 6%



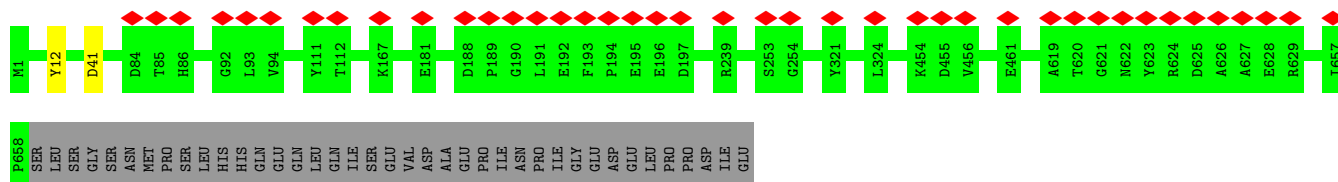
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain AZ: 94% 6%



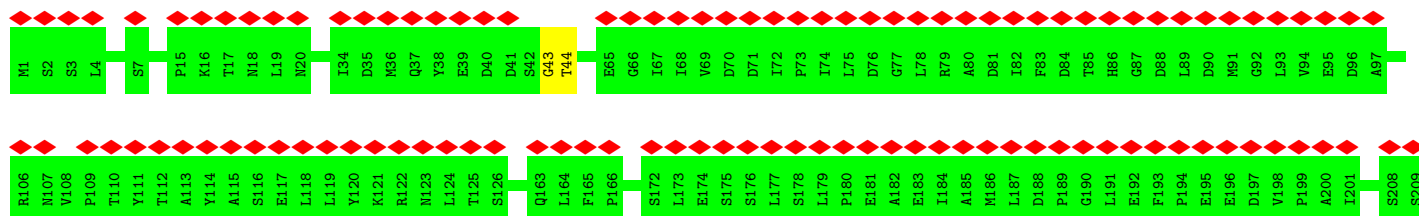
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BA: 6% 94% 6%



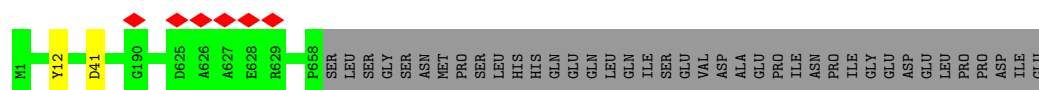
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BB: 54% 94% 6%



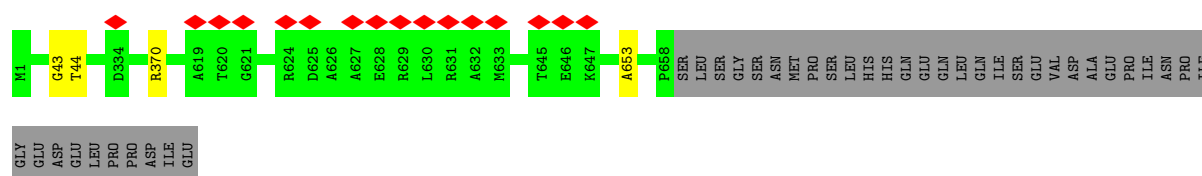
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BF:  94% 6%



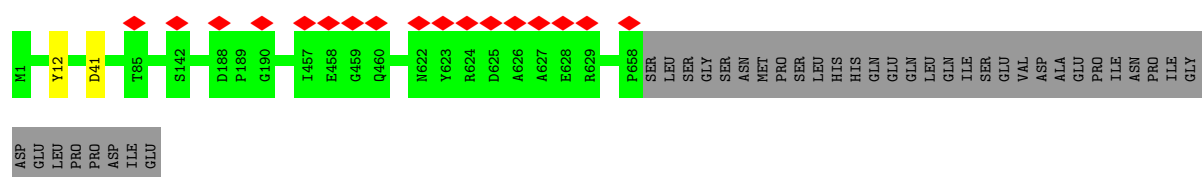
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BG:  94% 6%



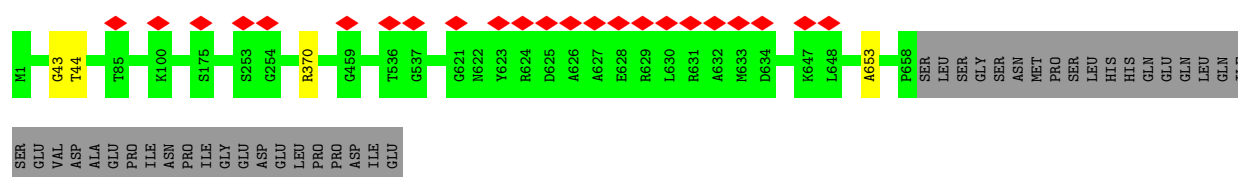
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BH:  94% 6%



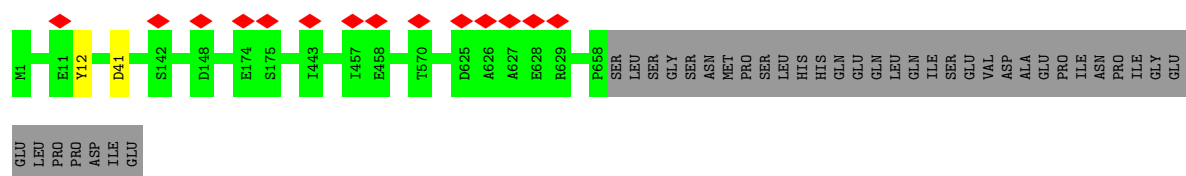
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BI:  94% 6%



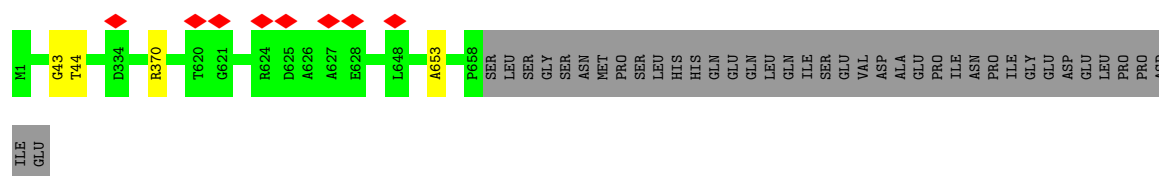
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BJ:  94% 6%



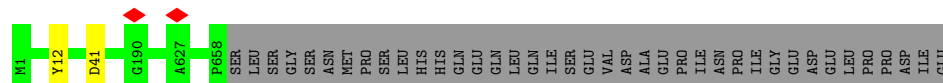
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BK:  94% 6%



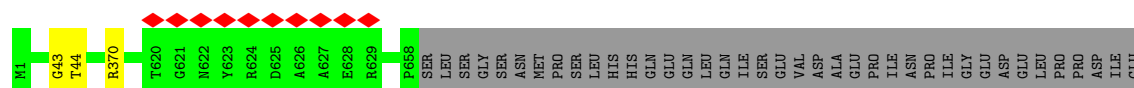
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BL:  94% 6%



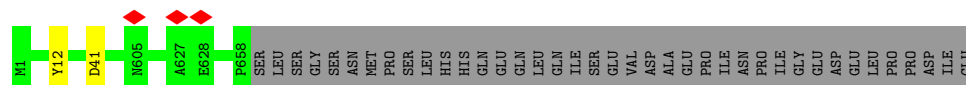
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BM:  94% 6%



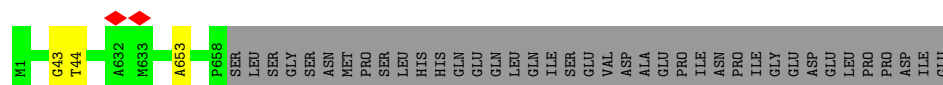
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BN:  94% 6%




- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BO:  94% 6%



- Molecule 1: Major capsid protein

Chain BP:  77% 85% 15%

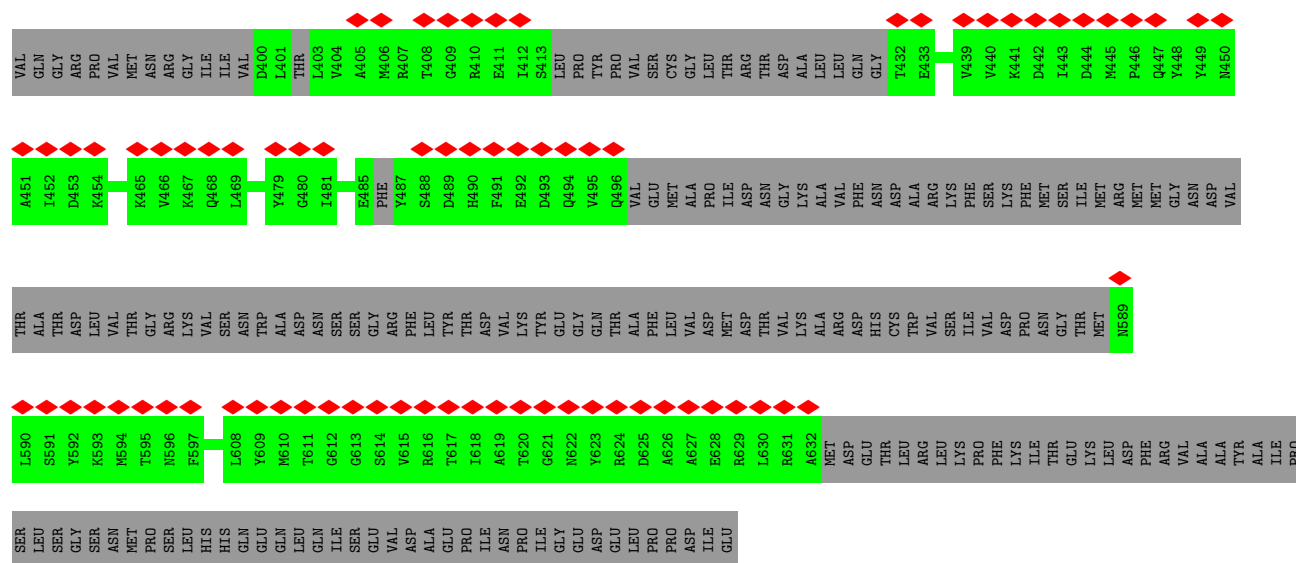


Lys	Thr	Leu	Lys	Leu	Phe	Val	Ala	Tyr	Ala	Pro	Leu	Ser	Gly	Ser	Asn	Met	Pro	Ser	His	Gln	Gln	Leu	Arg	Thr	Leu	Thr	Ala	Gly	Asn	Glu	Pro	Leu	Pro	Arg	Asp	Ala	Ala	Glu	Arg	Met	Asp	Glu	Thr	Leu	Arg	Lys	Pro	Phe											
D583	P584	N585	G586	T587	M588	N589	L590	S591	Y592	K593	M594	T595	N596	F597	R598	A599	M600	N601	F602	S603	H604	M605	K606	P607	L608	V609	D610	T611	G612	G613	S614	V615	ARG	THR	ILE	ALA	THR	GLY	ASN	GLY	TYR	LEU	ARG	ASP	ASP	ILE	ILE	GLU											
F518	M519	S520	I521	M522	R523	M524	M525	G526	N527	D528	V529	T530	A531	T532	D533	L534	K539	V540	S541	N542	W543	A544	D545	G549	R550	F551	L552	Y553	T554	D555	V556	K557	V558	E559	G560	Q561	T562	A563	F564	L565	V566	D567	M568	D569	T570	V571	K572	A573	R574	D575	H576	C577	N578	V579	S580	I581	V582		
I452	D453	K454	D455	V456	L457	E458	G459	Q460	E461	T462	V463	I464	K465	V466	K467	Q468	L469	P470	P475	I476	Y477	T478	Y479	O480	I481	M482	T483	T484	E485	F486	Y487	S488	D489	H490	F491	E492	D493	Q494	V495	Q496	V497	E498	M499	A500	G505	K506	A507	V508	F509	N510	D511	A512	R513	K514	F515	S516	K517		
V392	MET	N394	R395	G396	I397	I398	V399	D400	L401	T402	L403	V404	A405	M406	R407	T408	G409	R410	E411	I412	S413	L414	P415	Y416	P417	V418	S419	C420	G421	L422	T423	R424	T425	D426	A427	L428	L429	Q430	G431	T432	E433	I434	H435	V436	P437	V438	V439	V440	K441	D442	I443	D444	M445	P446	Q447	Y448	Y449	N450	A451
R332	L333	D334	T335	W336	K337	D338	T339	L340	N341	H342	W343	V344	A345	Y346	P347	D348	M349	L350	F351	Y352	H353	S354	V355	A356	M357	I358	E359	S360	C361	Y362	V363	E364	L365	G366	N367	V368	A369	R370	V371	S372	D373	S374	D375	A376	I377	N378	K379	Y380	T381	F382	T383	L385	S386	V387	Q388	G389	R390	P391	
N272	Q273	A274	Y275	T276	D277	F278	E279	A280	A281	Y282	L283	M284	L285	A286	Q287	T288	L289	V290	S291	V293	P294	R295	T296	A297	E298	A299	S300	A301	W302	F303	I304	N305	A306	G307	MET	V309	N310	M311	P312	T313	L314	S315	C316	A317	N318	G319	V320	V321	F322	A323	L324	T325	N326	V327	N328	P329	Y330	H331	
V198	P199	A200	I201	L202	W203	H204	G205	R206	V207	S208	S209	R210	A211	T212	P224	P227	F228	S229	I230	A231	H232	Y233	L237	K240	L241	F242	V243	W244	A245	P246	A247	G248	I249	E250	P251	S252	S253	G254	R255	Y256	T257	H258	E259	D260	V261	K262	D263	A264	L265	T266	I267	L268	V269	S270	A271				
K121	R122	N123	L124	T125	S126	L127	F128	Y129	N130	M131	L132	R133	L134	Y135	Y136	I137	K138	K139	W140	G141	S142	A149	I150	F151	Y152	D153	N154	G155	H156	A157	C158	L159	L160	N161	R162	Q163	L164	F165	P166	K167	E181	A182	E183	I184	A185	M186	L187	D188	P189	G190	L191	GLU	PHE	PRO	GLU	GLU	D197		

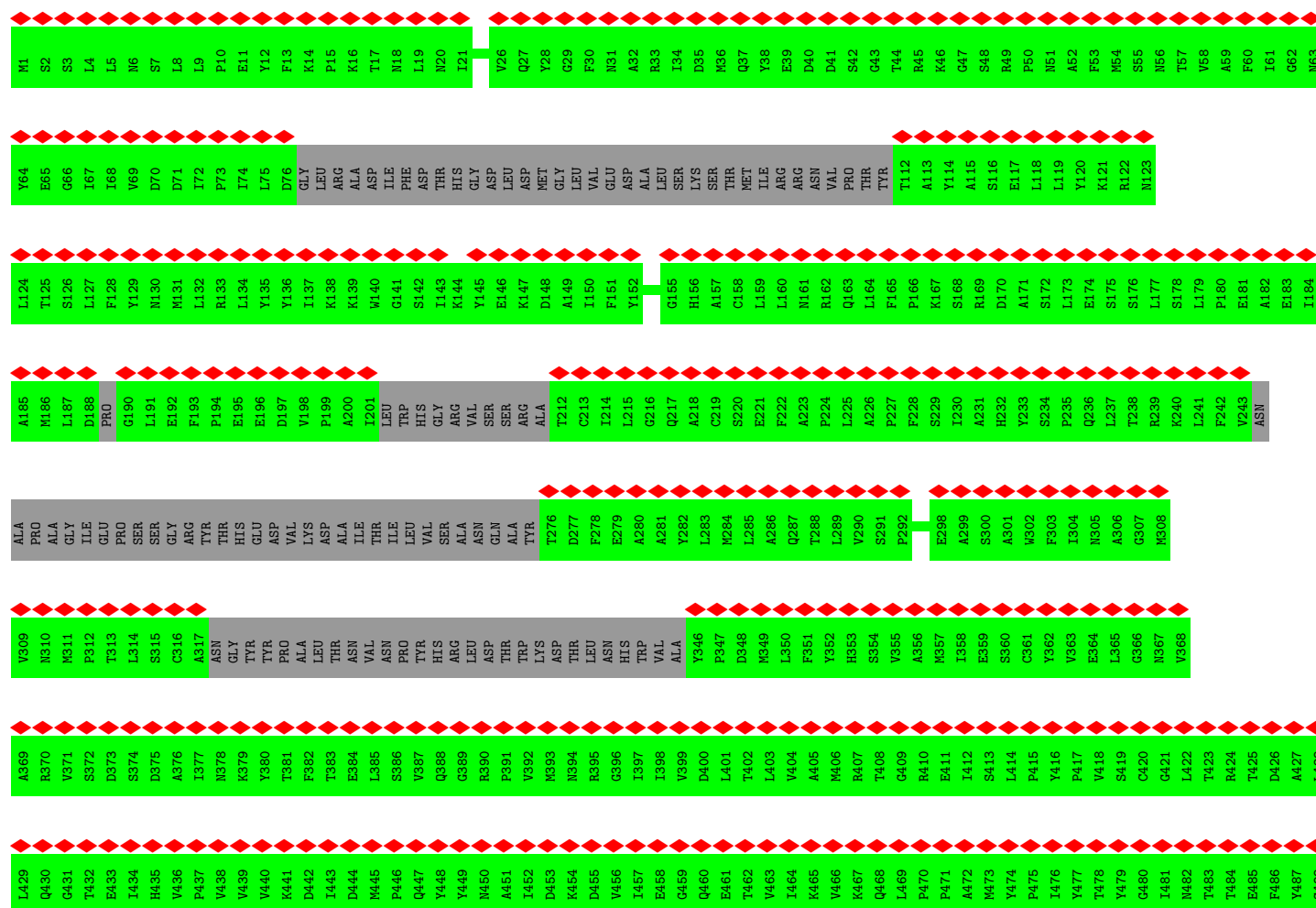
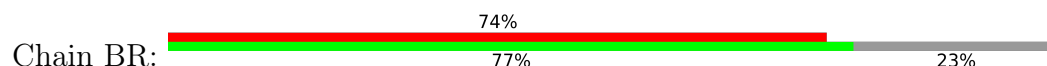
• Molecule 1: Major capsid protein

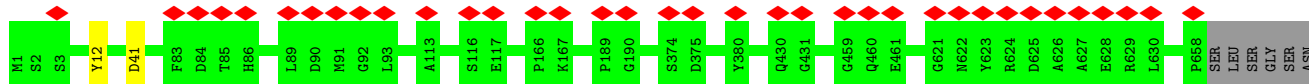
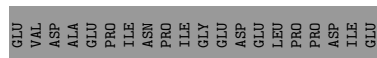


V198			V199													V200													V201													V202													V203													V204													V205													V206													V207													V208													V209													V210													V211													V212													V213													V214													V215													V216													V217													V218													V219													V220													V221													V222													V223													V224													V225													V226													V227													V228													V229													V230													V231													V232													V233													V234													V235													V236													V237													V238													V239													V240													V241													V242													V243													V244													V245													V246													V247													V248													V249													V250													V251													V252													V253													V254													V255													V256													V257													V258													V259													V260													V261													V262													V263													V264													V265													V266													V267													V268													V269													V270													V271													V272													V273													V274													V275													V276													V277													V278													V279													V280													V281													V282													V283													V284													V285													V286													V287													V288													V289													V290													V291													V292													V293													V294													V295													V296													V297													V298													V299													V300													V301													V302													V303													V304													V305													V306													V307													V308													V309													V310													V311													V312													V313													V314													V315													V316													V317													V318													V319													V320													V321													V322													V323													V324													V325													V326													V327													V328													V329													V330													V331													V332													V333													V334													V335													V336													V337													V338													V339													V340													V341													V342													V343													V344													V345													V346													V347													V348													V349													V350													V351													V352													V353													V354													V355													V356													V357													V358													V359													V360													V361													V362													V363													V364													V365													V366													V367													V368													V369													V370													V371													V372													V373													V374													V375													V376													V377													V378													V379													V380													V381													V382													V383													V384													V385													V386													V387													V388													V389													V390													V391													V392													V393													V394													V395													V396													V397													V398													V399													V400													V401													V402													V403													V404													V405													V406													V407													V408													V409													V410													V411													V412													V413													V414													V415													V416													V417													V418													V419													V420													V421													V422													V423													V424													V425													V426													V427													V428													V429													V430													V431													V432													V433													V434													V435													V436													V437													V438													V439													V440													V441													V442													V443													V444													V445													V446													V447													V448													V449													V450													V451													V452													V453													V454													V455													V456													V457													V458													V459													V460													V461													V462													V463													V464													V465													V466													V467													V468													V469													V470													V471													V472													V473													V474													V475													V476													V477													V478													V479													V480													V481													V482													V483													V484													V485													V486													V487													V488													V489													V490													V491													V492													V493													V494													V495													V496													V497													V498													V499													V500													V501													V502													V503													V504													V505													V506													V507													V508													V509													V510													V511													V512													V513													V514													V515													V516													V517													V518													V519													V520													V521													V522													V523													V524													V525													V526													V527													V528													V529													V530													V531													V532													V533													V534													V535													V536													V537													V538													V539													V540													V541													V542													V543													V544													V545													V546													V547													V548													V549													V550													V551													V552													V553													V554													V555													V556													V557													V558													V559													V560													V561													V562													V563													V564													V565													V566													V567													V568													V569													V570													V571													V572													V573													V574													V575													V576													V577													V578													V579													V580													V581													V582													V583													V584													V585													V586													V587													V588													V589													V590													V591													V592													V593													V594													V595													V596													V597													V598													V599													V600													V601													V602													V603													V604													V605													V606													V607													V608													V609													V610													V611													V612													V613													V614													V615													V616													V617													V618													V619													V620													V621													V622													V623													V624													V625													V626													V627													V628													V629													V630													V631													V632													V633													V634													V635													V636													V637													V638													V639													V640													V641													V642													V643													V644													V645													V646													V647													V648													V649													V650													V651													V652													V653													V654													V655													V656													V657													V658													V659													V660													V661													V662													V663													V664													V665													V666													V667													V668													V669													V670													V671													V672													V673													V674													V675													V676													V677													V678													V679													V680													V681													V682													V683													V684													V685													V686													V687													V688													V689													V690													V691													V692													V693													V694													V695													V696													V697													V698													V699													V700													V701													V702													V703													V704													V705													V706													V707													V708													V709													V710													V711													V712													V713													V714													V715													V716													V717													V718													V719													V720													V721													V722													V723													V724													V725													V726													V727													V728													V729													V730													V731													V732													V733													V734													V735													V736													V737													V738													V739													V740													V741													V742													V743													V744													V745													V746													V747													V748													V749													V750													V751													V752													V753													V754													V755													V756													V757													V758													V759													V760													V761													V762													V763													V764													V765													V766													V767													V768													V769													V770													V771													V772													V773													V774													V775													V776													V777													V778													V779													V780													V781													V782													V783													V784													V785													V786													V787													V788													V789													V790													V791													V792													V793													V794													V795													V796													V797													V798													V799													V800													V801													V802													V803													V804													V805													V806													V807													V808													V809													V810													V811													V812													V813													V814													V815													V816													V817													V818													V819													V820													V821													V822													V823													V824													V825													V826													V827													V828													V829													V830													V831													V832													V833													V834													V835													V836													V837													V838													V839													V840													V841													V842													V843													V844													V845													V846													V847													V848													V849													V850													V851													V852													V853													V854													V855													V856													V857													V858													V859													V860													V861													V862													V863													V864													V865													V866													V867													V868													V869													V870													V871													V872													V873													V874													V875													V876													V877													V878													V879													V880													V881													V882													V883													V884													V885													V886													V887													V888													V889													V890													V891													V892													V893													V894													V895													V896													V897													V898													V899													V900													V901													V902													V903													V904													V905													V906													V907													V908													V909													V910													V911													V912													V913													V914													V915													V916													V917													V918													V919													V920													V921													V922													V923													V924													V925													V926													V927													V928													V929													V930													V931													V932													V933													V934													V935													V936													V937													V938													V939													V940													V941													V942													V943													V944													V945													V946													V947													V948													V949													V950													V951													V952													V953													V954													V955													V956													V957													V958													V959													V960													V961													V962													V963													V964													V965													V966													V967													V968													V969													V970													V971													V972													V973													V974													V975													V976													V977													V978													V979													V980													V981													V982													V983													V984													V985													V986													V987													V988													V989													V990													V991													V992													V993													V994													V995													V996													V997													V998													V999													V1000													V1001													V1002													V1003													V1004													V1005													V1006													V1007													V1008													V1009													V1010													V1011													V1012													V1013													V1014													V1015													V1016													V1017													V1018													V1019													V1020													V1021													V1022													V1023													V1024													V1025													V1026													V1027													V1028													V1029													V1030													V1031													V1032													V1033													V1034													V1035													V1036													V1037													V1038													V1039													V1040													V1041													V1042													V1043													V1044													V1045													V1046													V1047													V1048													V1049													V1050													V1051													V1052													V1053													V1054													V1055													V1056													V1057													V1058													V1059													V1060													V1061													V1062													V1063													V1064													V1065													V1066													V1067													V1068													V1069													V1070													V1071													V1072													V1073													V1074													V1075													V1076													V1077													V1078													V1079													V1080													V1081													V1082													V1083													V1084													V1085													V1086													V1087													V1088													V1089													V1090													V1091													V1092													V1093													V1094													V1095													V1096													V1097													V1098													V1099													V1100													V1101													V1102													V1103													V1104													V1105													V1106													V1107													V1108													V1109													V1110													V1111													V1112													V1113													V1114													V1115													V1116													V1117													V1118													V1119													V1120													V1121													V1122													V1123													V1124													V1125													V1126													V1127													V1128													V1129													V1130													V1131													V1132													V1133													V1134													V1135													V1136													V1137													V1138													V11												
------	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-------	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	-----	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--	--

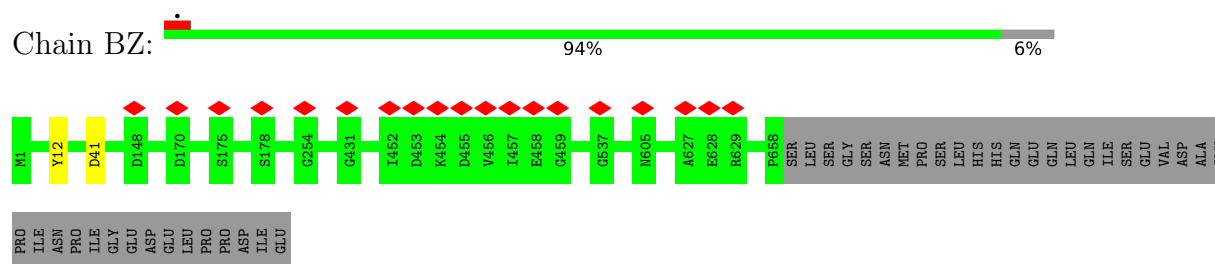


• Molecule 1: Major capsid protein

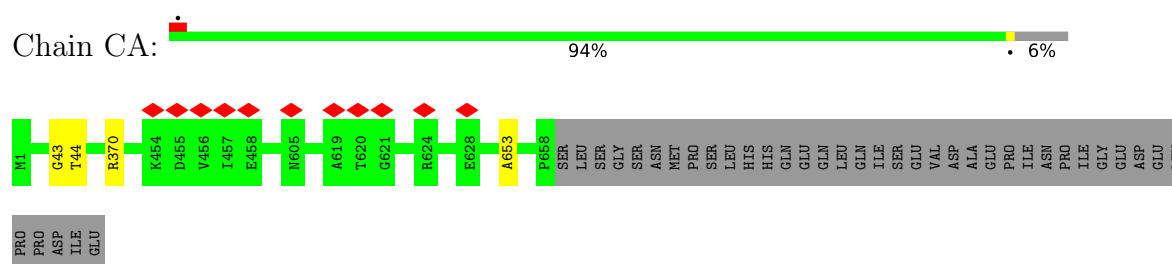




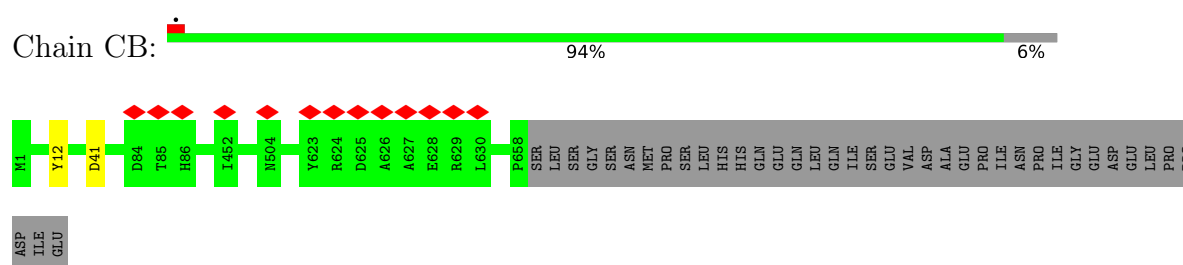
- Molecule 1: Major capsid protein



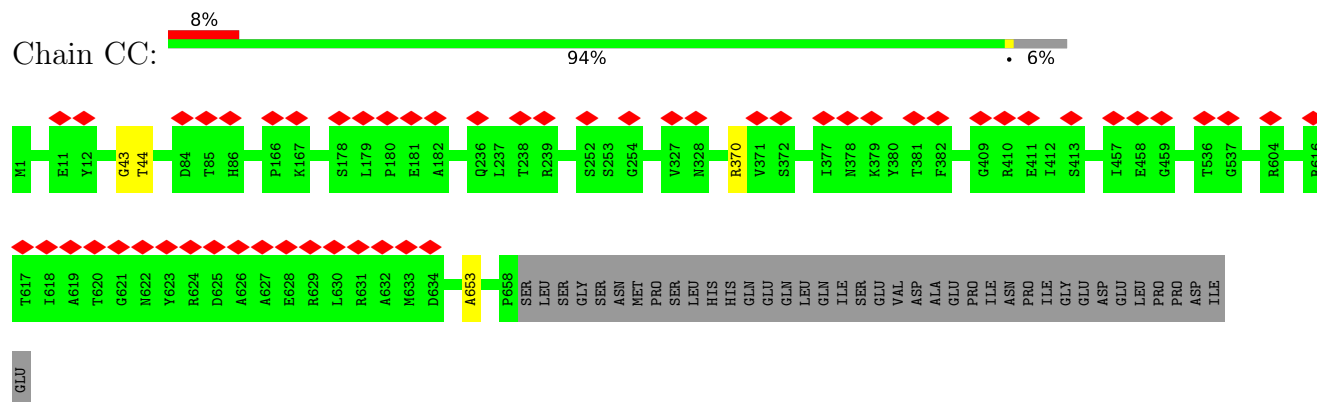
- Molecule 1: Major capsid protein



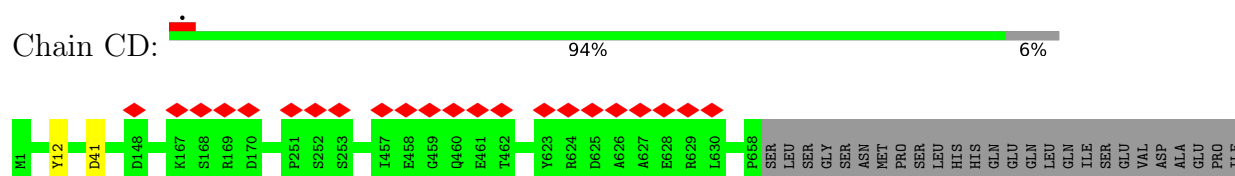
- Molecule 1: Major capsid protein



- Molecule 1: Major capsid protein



- Molecule 1: Major capsid protein



ASN
PRO
ILE
GLY
GLU
ASP
GLU
LEU
PRO
ASP
ILE
GLU

- Molecule 1: Major capsid protein

Chain CE:  94% 6%

HI G43 T44 A80 D81 D84 T85 H86 N326 V327 N328 D334 T335 R370 E458 G459 T617 I618 A619 T620 G621 N622 Y623 R624 D625 A626 A627 E628 R629 L630 R631 A632 M633 D634 E635 T636 L637 R638 L639 K640 P641 A653 A656 I657 P658 SER LEU SER GLY SER

ASN
MET
PRO
SER
LEU
HIS
HIS
GLN
GLU
GLN
LEU
GLN
ILE
SER
VAL
VAL
ASP
ALA
GLU
PRO
ILE
ASN
PRO
ILE
GLY
GLU
ASP
LEU
PRO
PRO
ASP
ILE
GLU

- Molecule 1: Major capsid protein

Chain CF:  94% 6%

HI Y12 D41 D148 A149 I150 F151 Y152 D153 D170 K454 D455 V456 I457 E458 D625 A626 E628 R629 L630 P658 SER LEU SER GLY SER ASN MET PRO SER LEU HIS HIS GLN GLU GLN LEU ILE SER VAL ASP ALA GLU PRO ASN PRO ILE GLY GLU

ASP
GLU
LEU
PRO
PRO
ASP
ILE
GLU

- Molecule 1: Major capsid protein

Chain CG:  94% 6%

HI G43 T44 T85 H86 R370 R504 D569 G621 R624 D625 A626 A627 E628 R629 L630 A632 H633 A653 I657 P658 SER LEU SER GLY SER ASN MET PRO SER LEU HIS HIS GLN GLN LEU ILE SER VAL ASP ALA GLU PRO ASN PRO ILE

GLY
GLU
ASP
GLU
LEU
PRO
PRO
ASP
ASP
ILE
GLU

- Molecule 1: Major capsid protein

Chain CH:  94% 6%

HI Y12 D41 G190 A627 E628 P658 SER LEU SER GLY SER ASN MET PRO SER LEU HIS HIS GLN GLN LEU ILE SER VAL ASP ALA GLU PRO ILE ILE ASN ASP PRO PRO ASP ASP ILE GLU

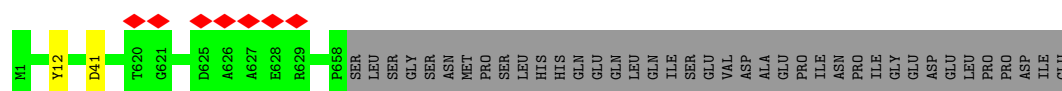
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain CI:  94% 6%

HI G43 T44 R370 R624 A627 E628 R629 A653 P658 SER LEU SER GLY SER ASN MET PRO SER LEU HIS HIS GLN GLN LEU ILE SER VAL ASP ALA GLU PRO ILE ILE ASN ASP PRO PRO ASP ASP ILE GLU

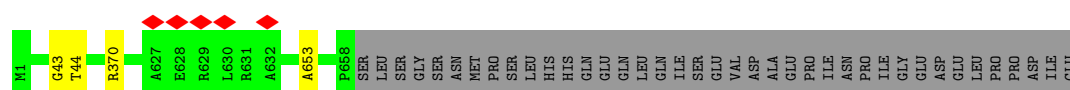
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain CJ:  94% 6%




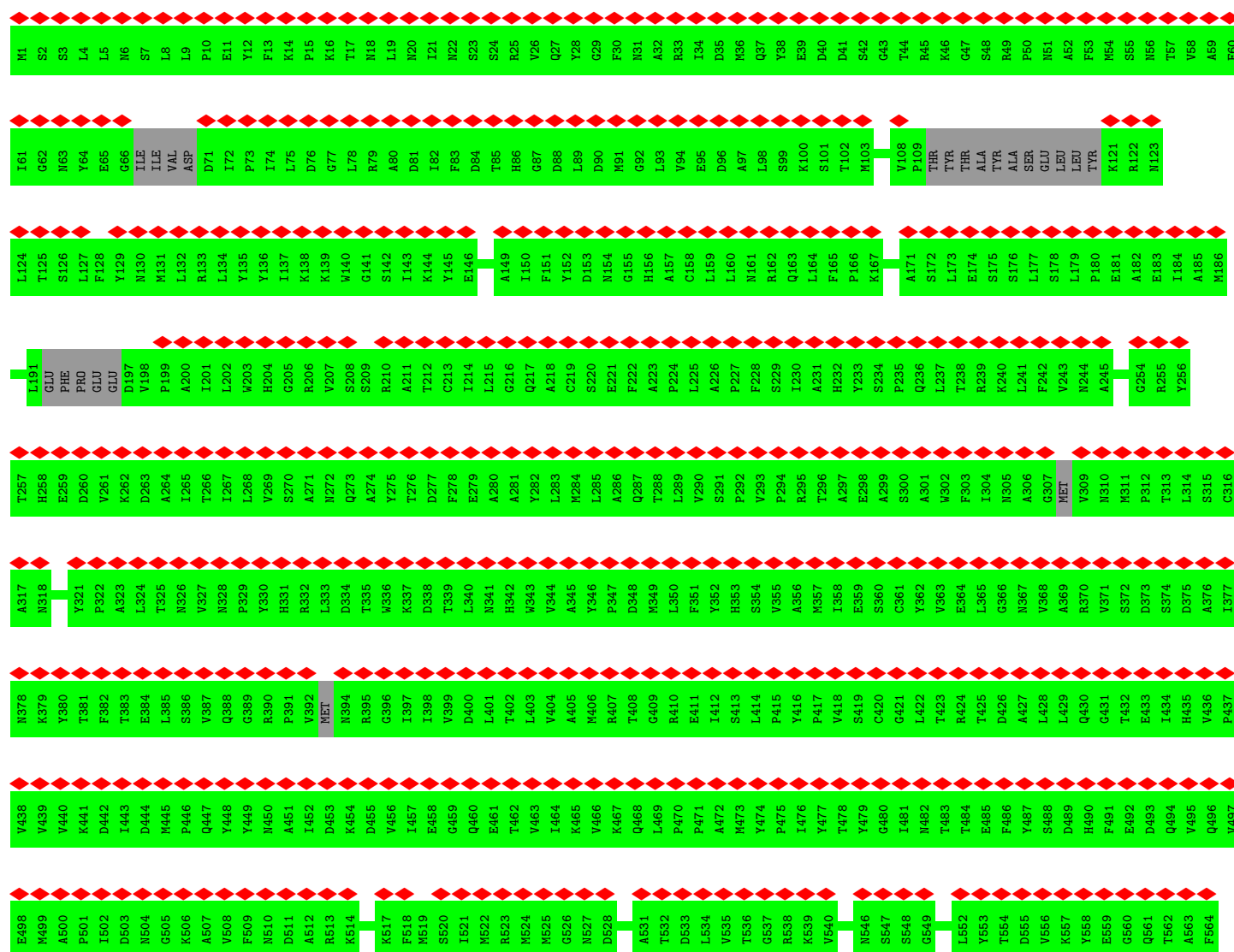
- Molecule 1: Major capsid protein

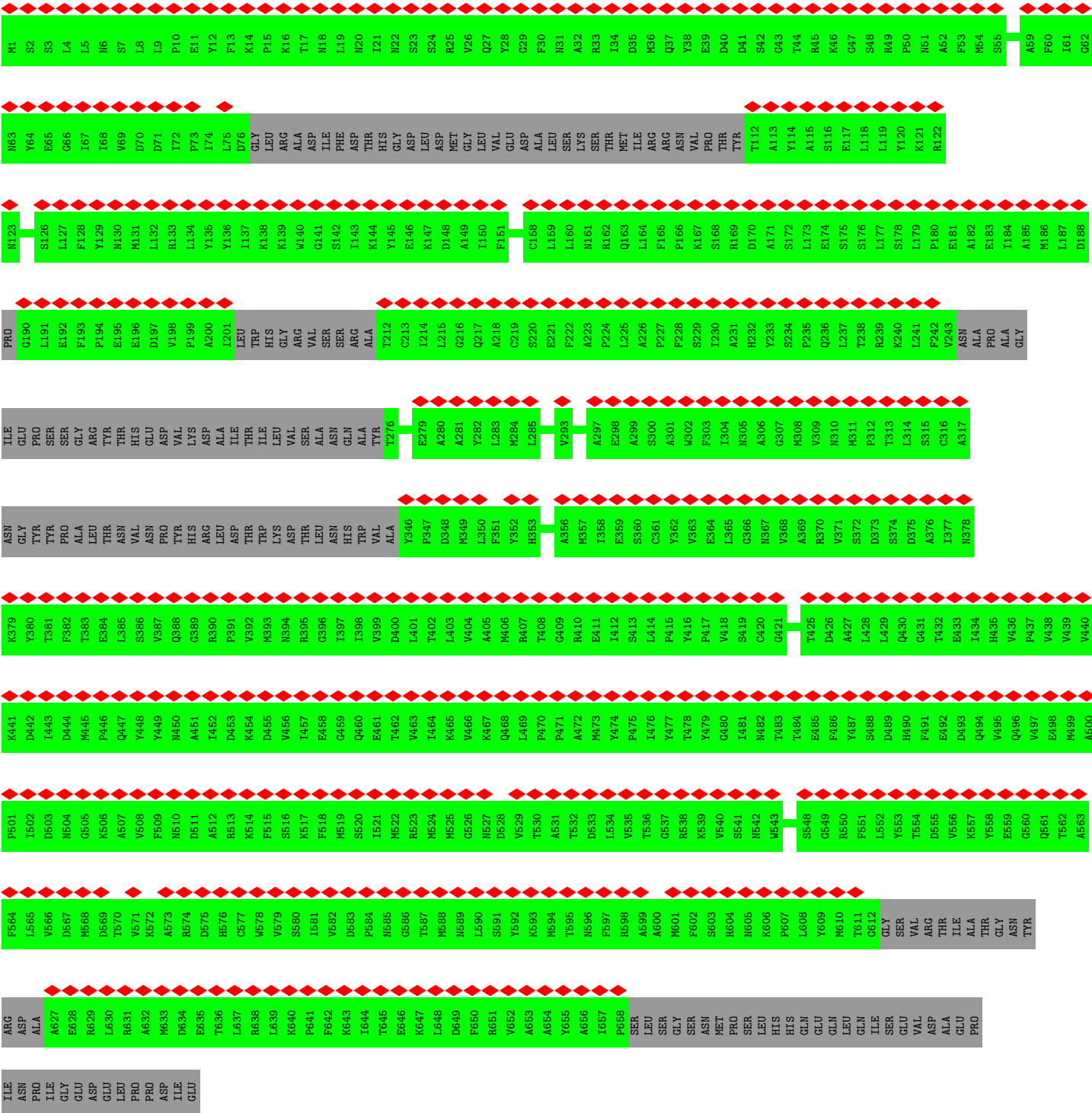
Chain CK:  94% 6%



- Molecule 1: Major capsid protein

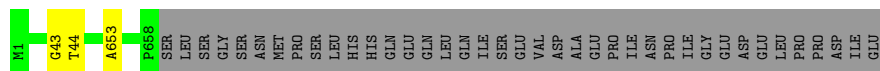
Chain CL:  79% 85% 15%





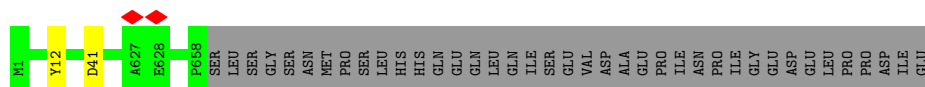
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain CP:  94% 6%



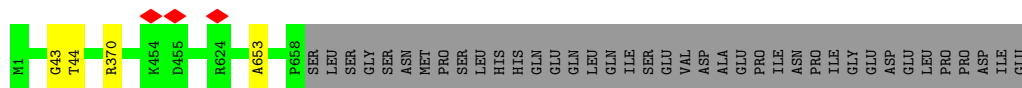
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain CQ:  94% 6%



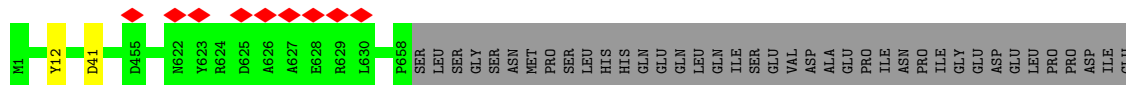
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain CR:  94% 6%



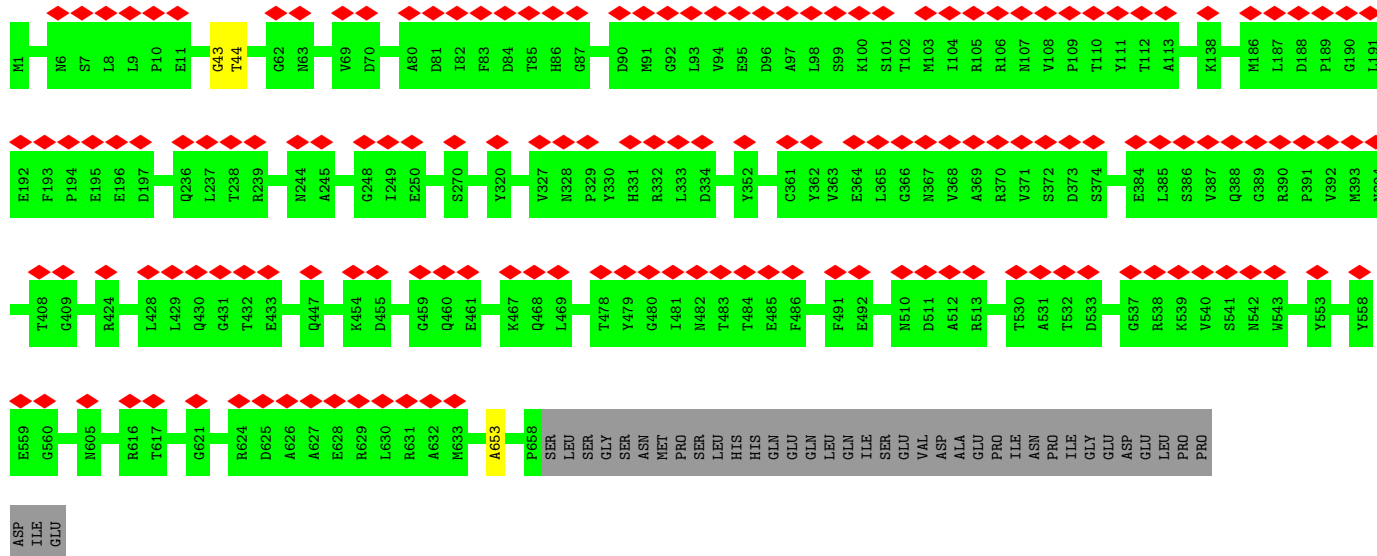
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain CS:  94% 6%

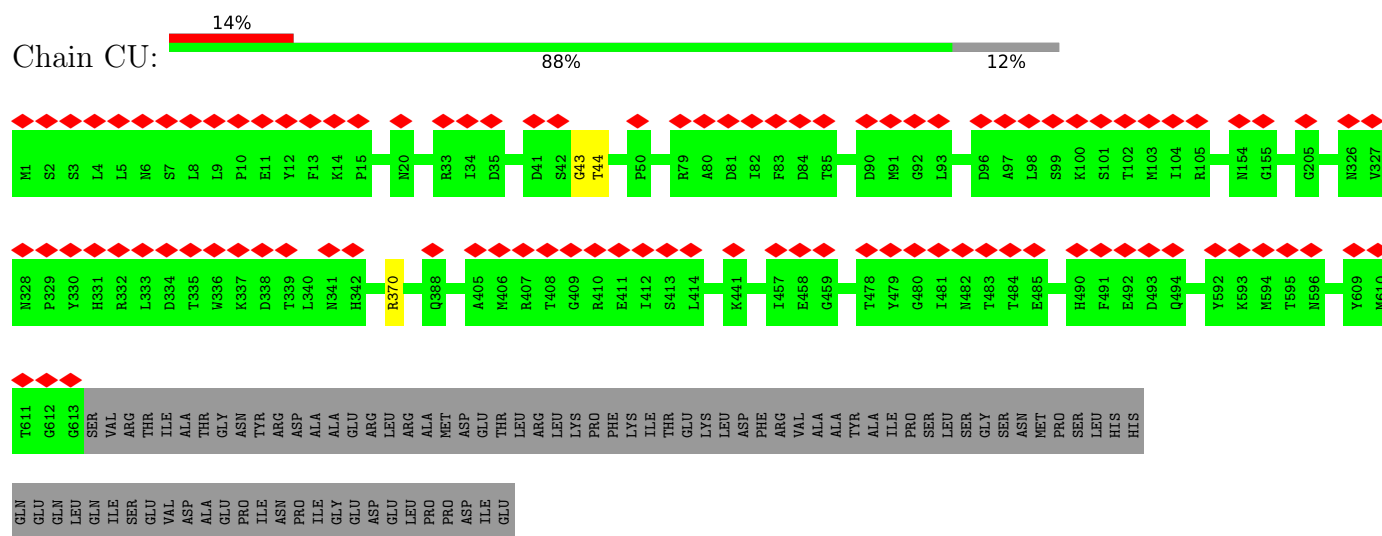


- Molecule 1: Major capsid protein

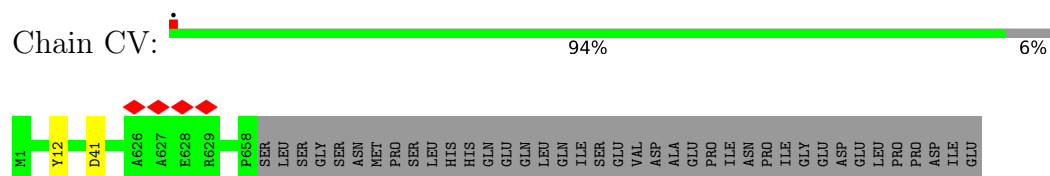
Chain CT:  23% 94% 6%



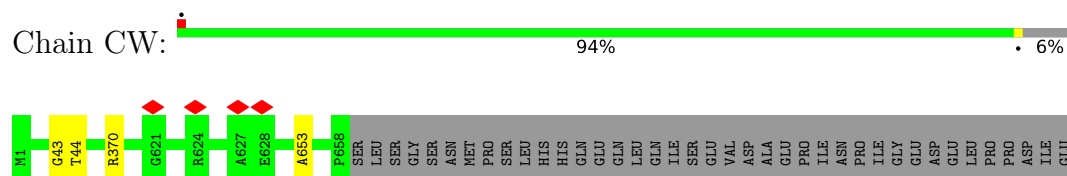
- Molecule 1: Major capsid protein



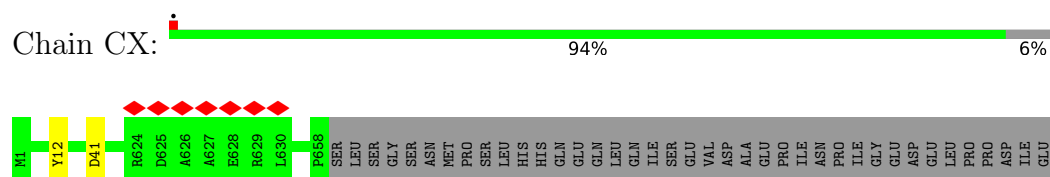
- Molecule 1: Major capsid protein



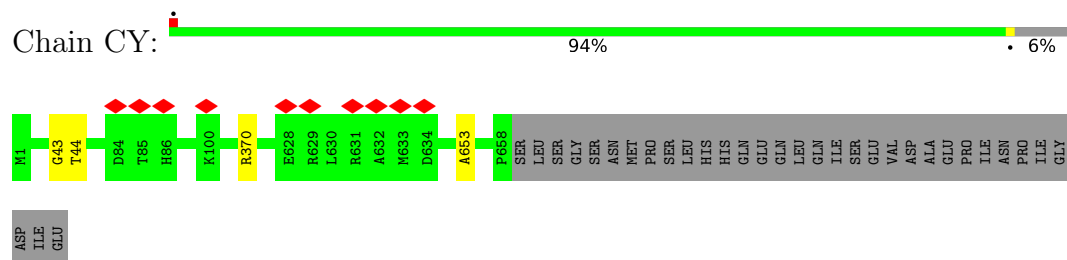
- Molecule 1: Major capsid protein



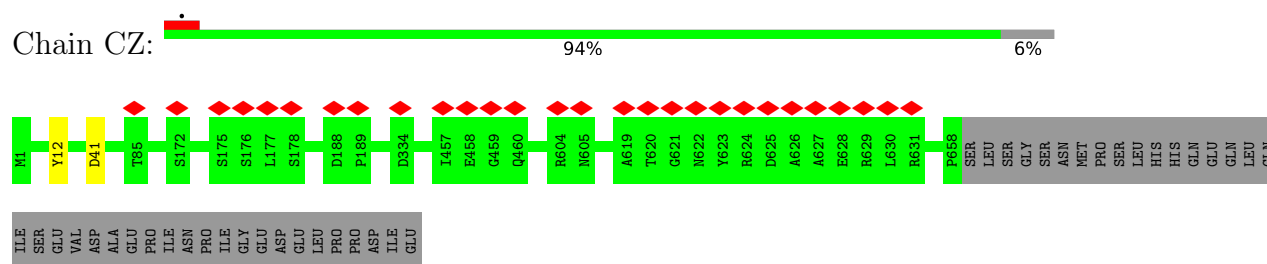
- Molecule 1: Major capsid protein



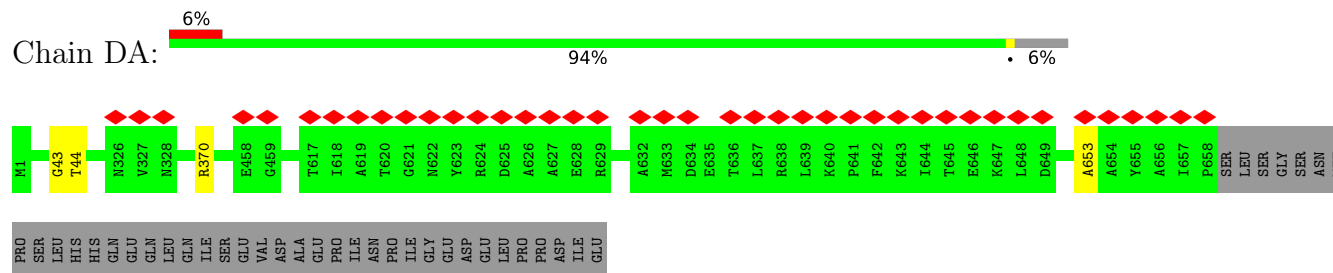
- Molecule 1: Major capsid protein



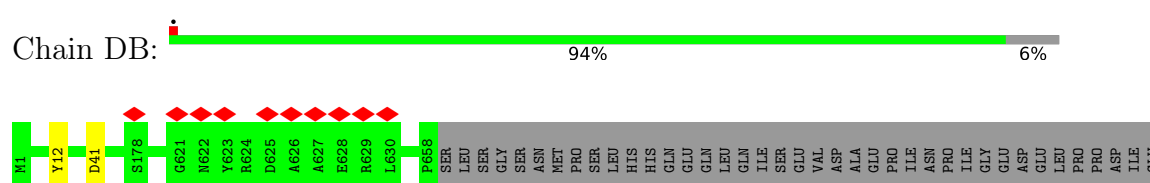
- Molecule 1: Major capsid protein



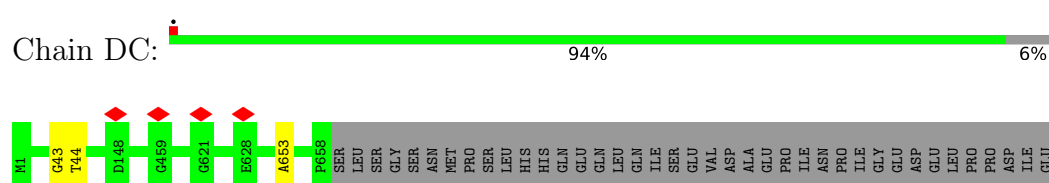
- Molecule 1: Major capsid protein



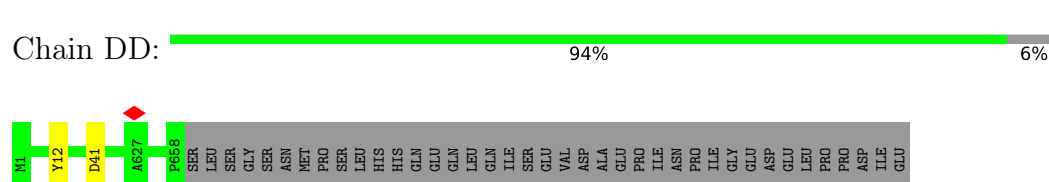
- Molecule 1: Major capsid protein



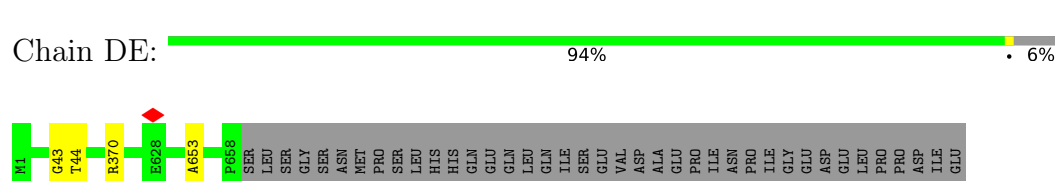
- Molecule 1: Major capsid protein



- Molecule 1: Major capsid protein

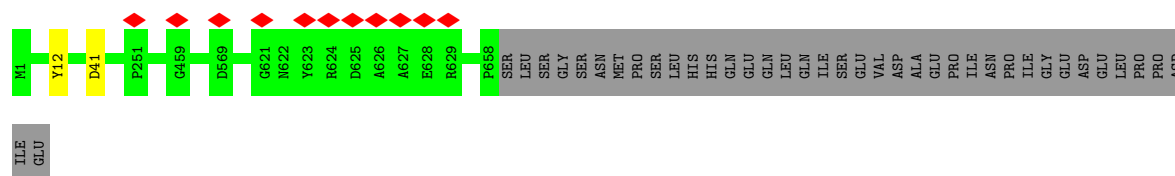


- Molecule 1: Major capsid protein



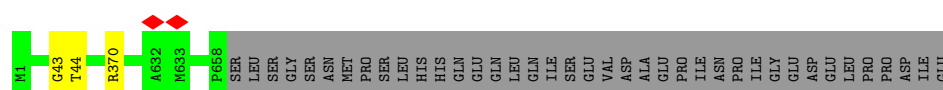
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain DF:  94% 6%




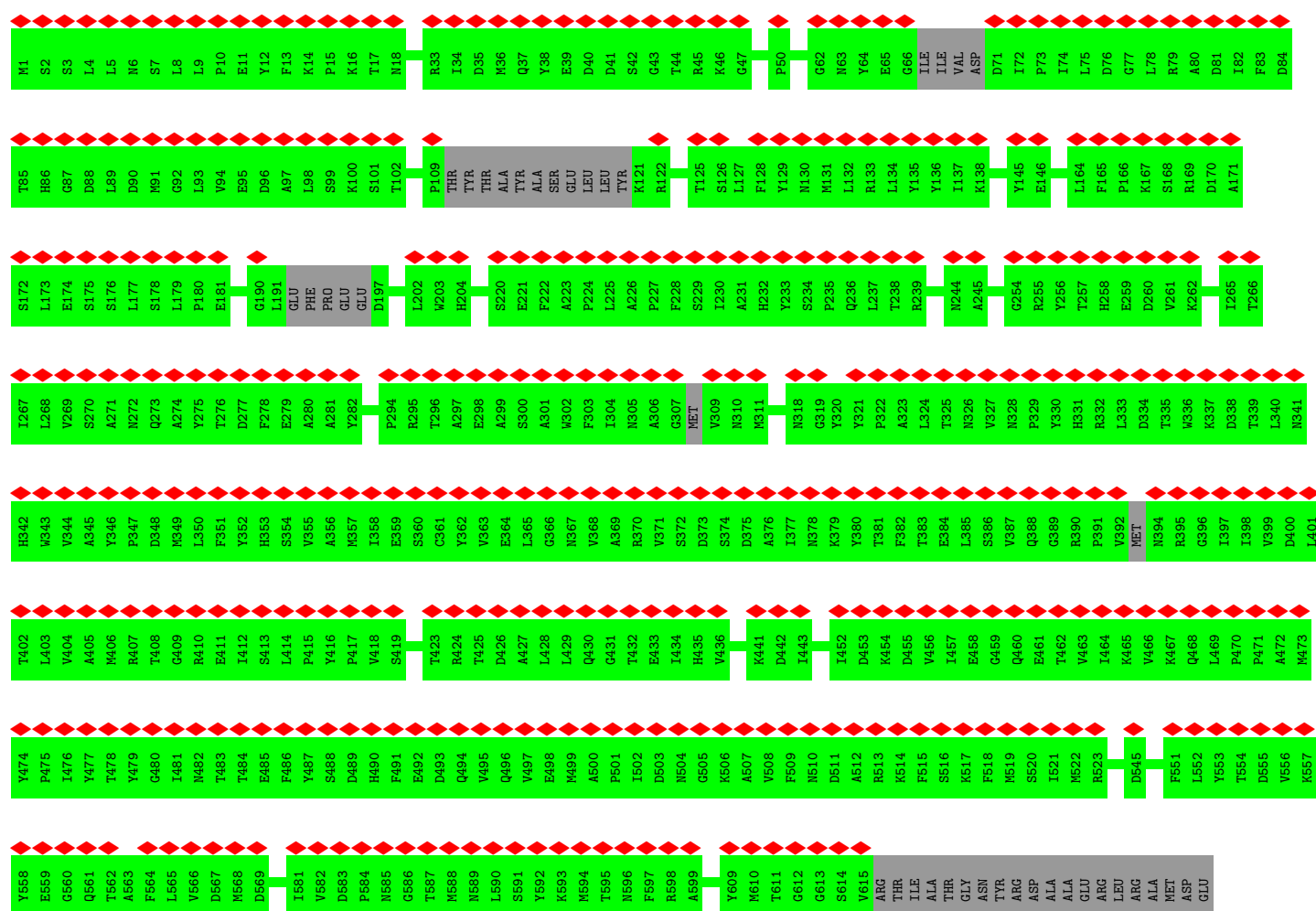
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain DG:  94% 6%

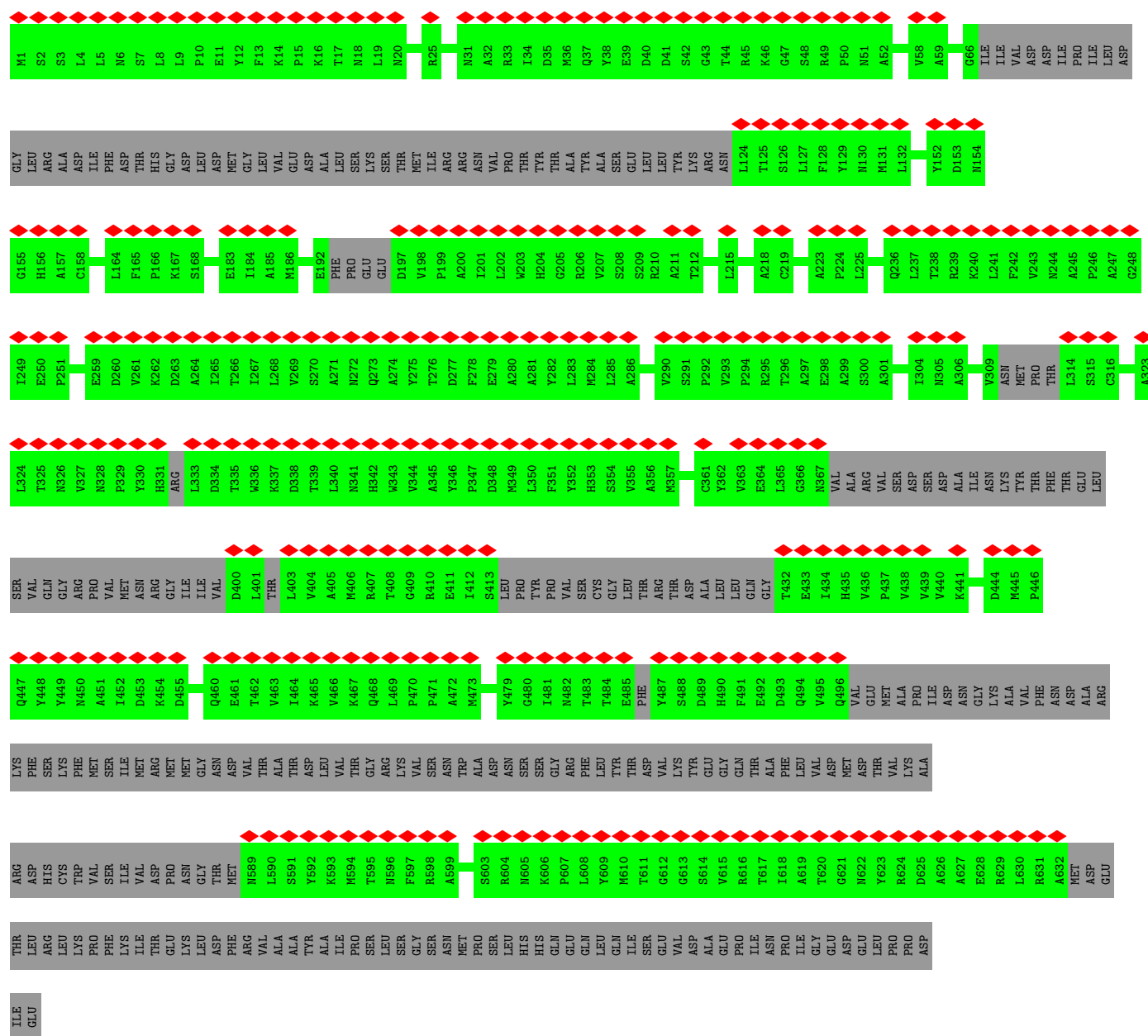


- Molecule 1: Major capsid protein

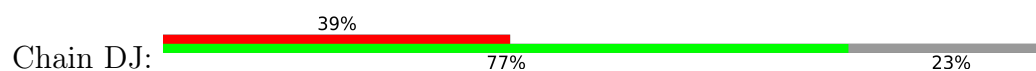
Chain DH:  59% 85% 15%

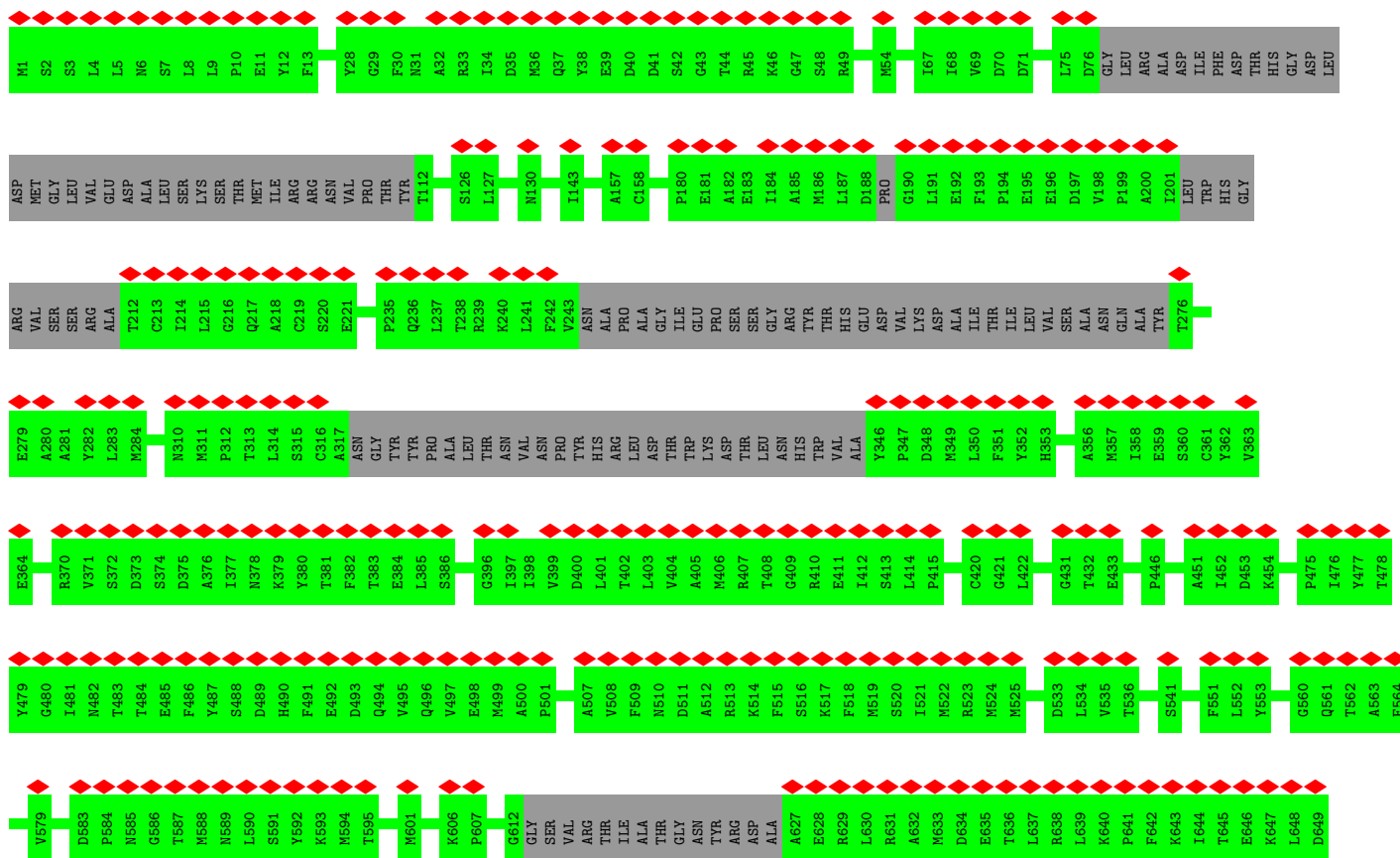


- Molecule 1: Major capsid protein



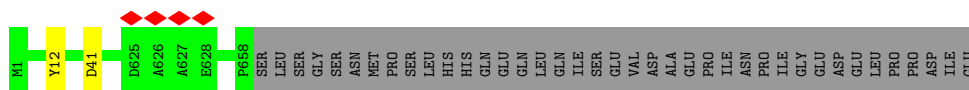
- Molecule 1: Major capsid protein





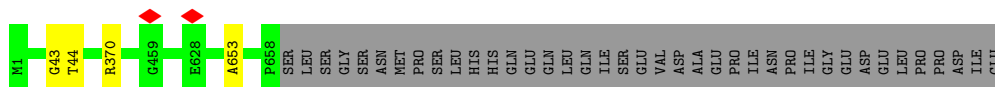
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain DK: 94% 6%



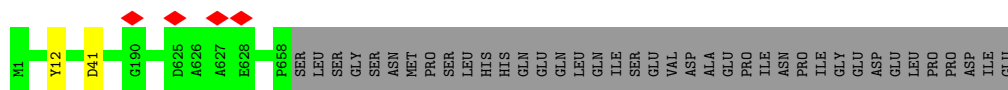
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain DL: 94% 6%

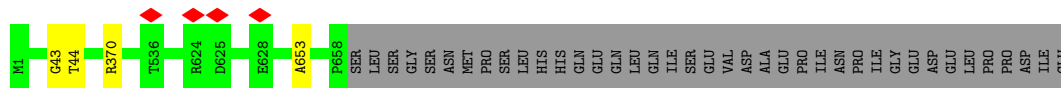


- Molecule 1: Major capsid protein

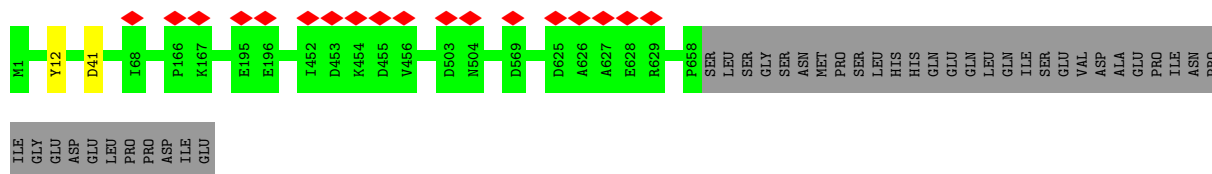
Chain DM: 94% 6%



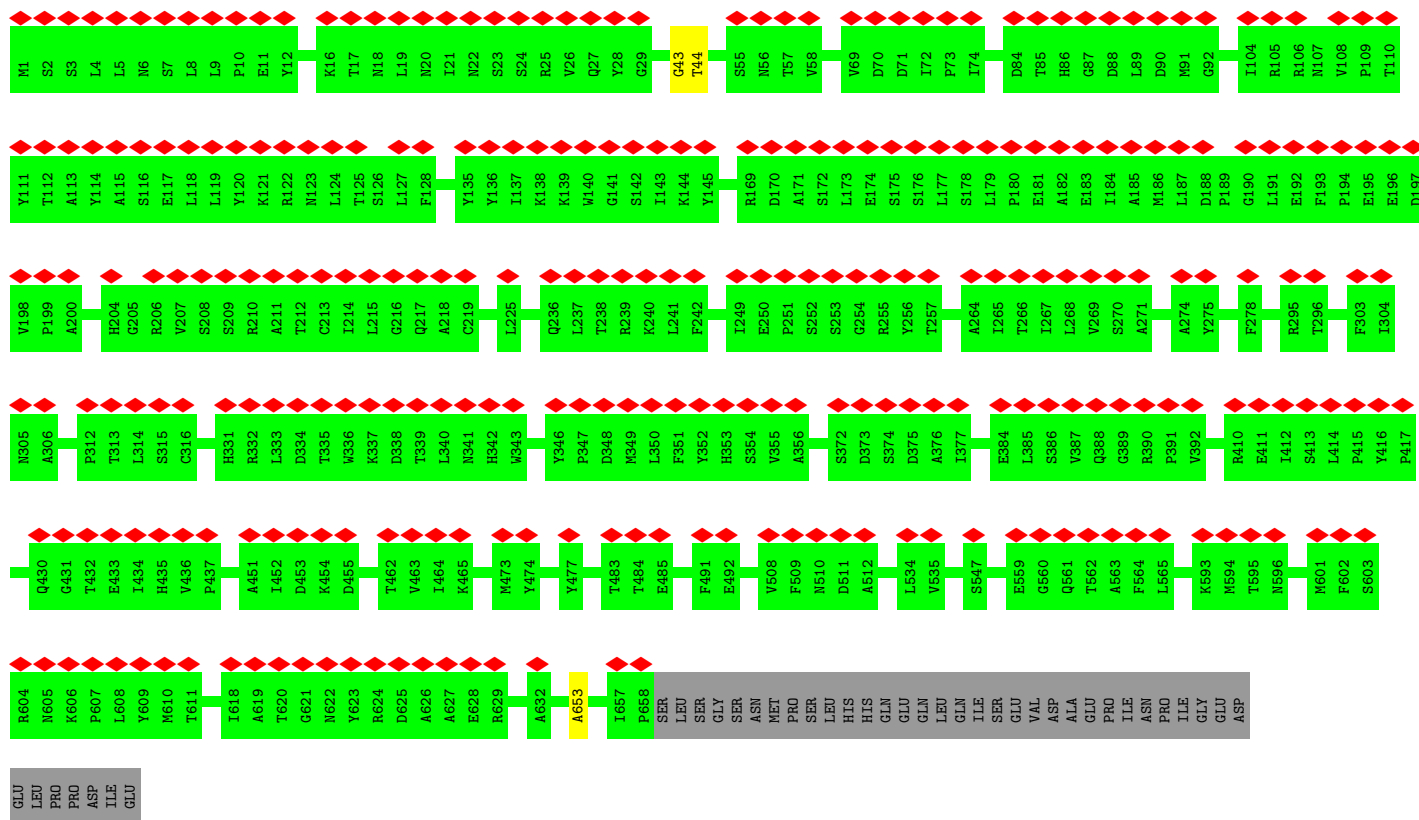
- Molecule 1: Major capsid protein



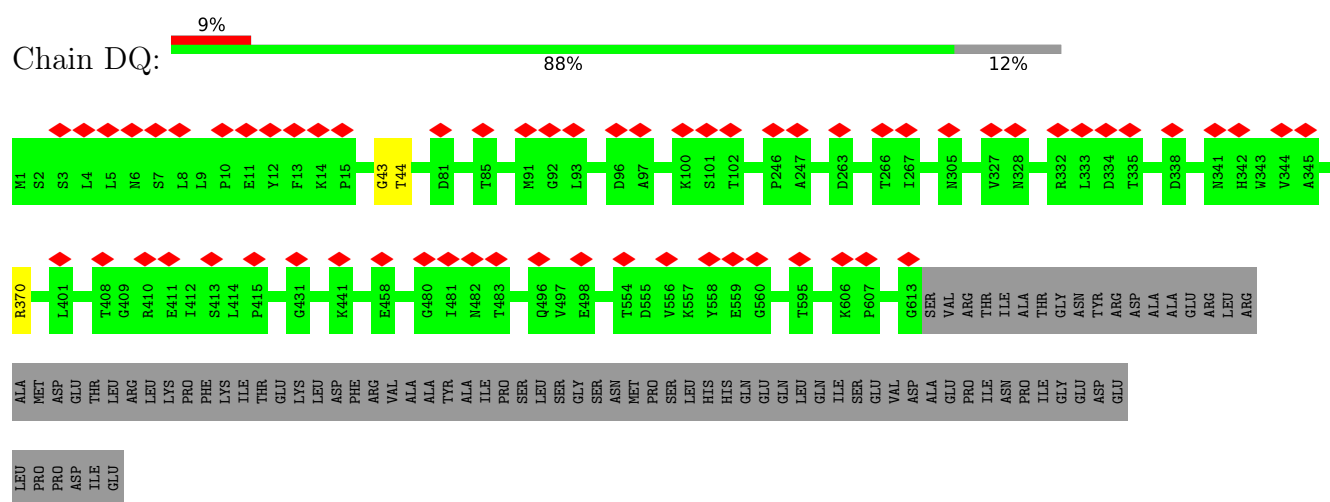
- Molecule 1: Major capsid protein



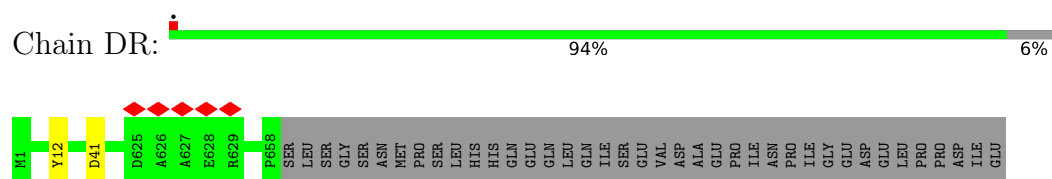
- Molecule 1: Major capsid protein



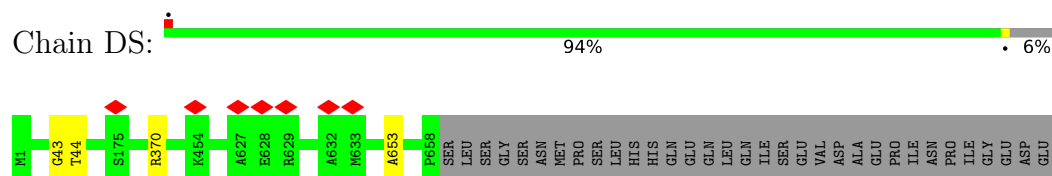
- Molecule 1: Major capsid protein



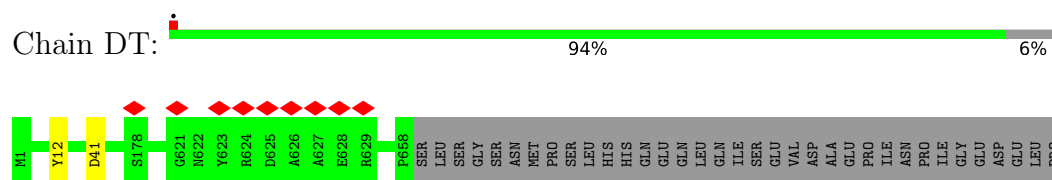
- Molecule 1: Major capsid protein



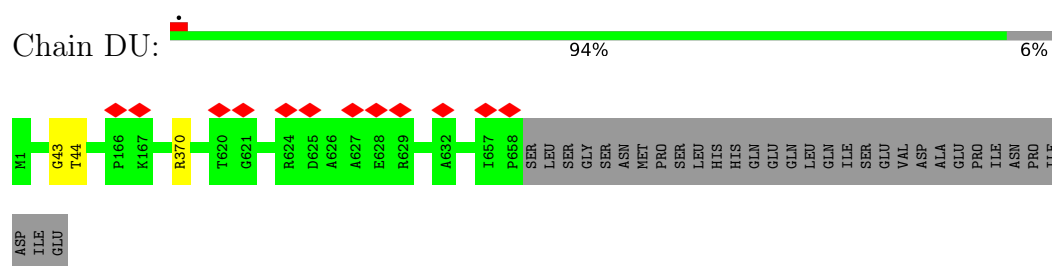
- Molecule 1: Major capsid protein



- Molecule 1: Major capsid protein



- Molecule 1: Major capsid protein



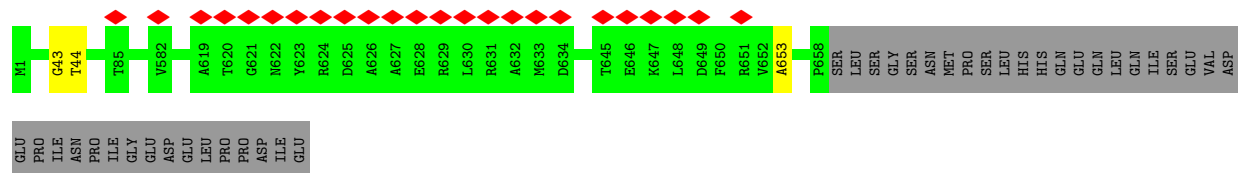
- Molecule 1: Major capsid protein





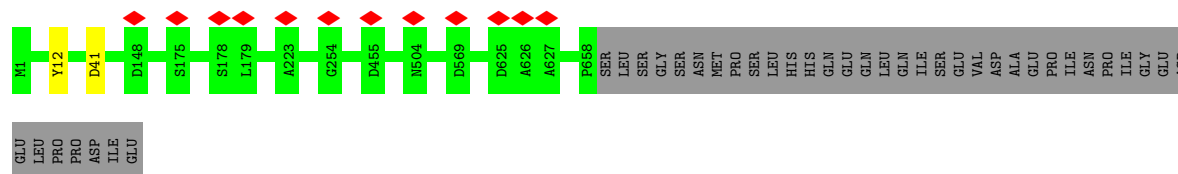
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain DW: 94% 6%



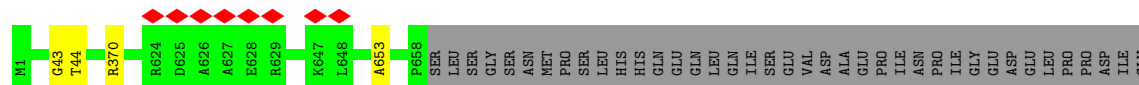
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain DX: 94% 6%



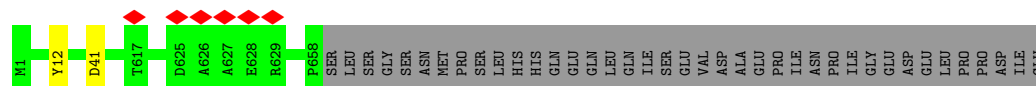
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain DY: 94% 6%



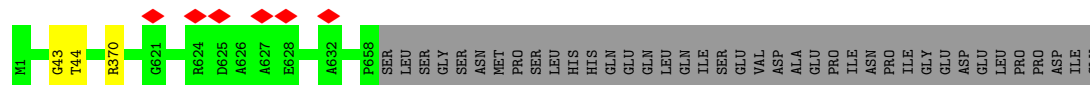
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain DZ: 94% 6%



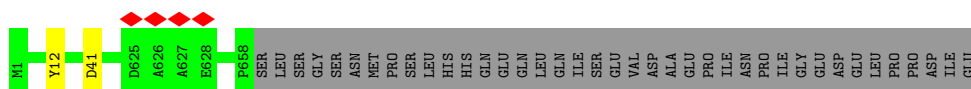
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain EA: 94% 6%



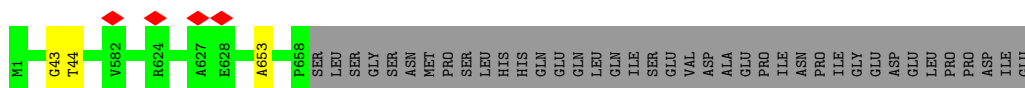
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain EB:  94% 6%




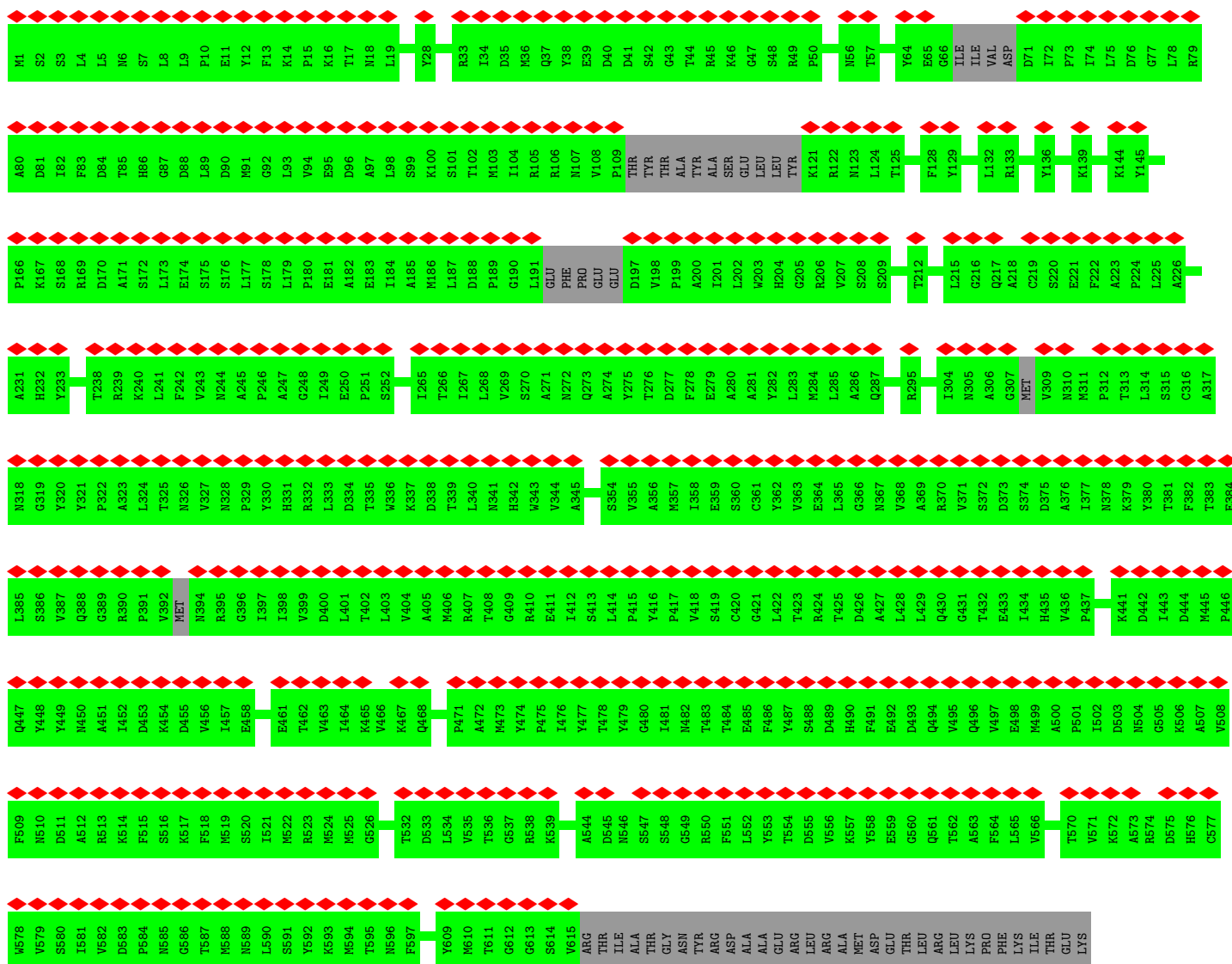
- Molecule 1: Major capsid protein

Chain EC:  94% 6%



- Molecule 1: Major capsid protein

Chain ED:  65% 85% 15%





WORLD WIDE
PDB
PROTEIN DATA BANK

4 Experimental information

Property	Value	Source
EM reconstruction method	SINGLE PARTICLE	Depositor
Imposed symmetry	POINT, Not provided	
Number of particles used	1120	Depositor
Resolution determination method	FSC 0.143 CUT-OFF	Depositor
CTF correction method	PHASE FLIPPING AND AMPLITUDE CORRECTION	Depositor
Microscope	FEI TITAN KRIOS	Depositor
Voltage (kV)	300	Depositor
Electron dose ($e^-/\text{\AA}^2$)	36	Depositor
Minimum defocus (nm)	700	Depositor
Maximum defocus (nm)	1700	Depositor
Magnification	130000	Depositor
Image detector	GATAN K2 SUMMIT (4k x 4k)	Depositor
Maximum map value	8.764	Depositor
Minimum map value	-3.432	Depositor
Average map value	-0.238	Depositor
Map value standard deviation	1.000	Depositor
Recommended contour level	1.0	Depositor
Map size (Å)	603.97125, 603.97125, 603.97125	wwPDB
Map dimensions	560, 560, 560	wwPDB
Map angles (°)	90.0, 90.0, 90.0	wwPDB
Pixel spacing (Å)	1.07852, 1.07852, 1.07852	Depositor

5 Model quality

5.1 Standard geometry

The Z score for a bond length (or angle) is the number of standard deviations the observed value is removed from the expected value. A bond length (or angle) with $|Z| > 5$ is considered an outlier worth inspection. RMSZ is the root-mean-square of all Z scores of the bond lengths (or angles).

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	$\# Z > 5$	RMSZ	$\# Z > 5$
1	AA	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	AB	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	AC	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	AD	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	AE	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	AF	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	AG	0.93	0/2451	0.94	0/3062
1	AH	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	AI	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	AJ	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	AK	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	AL	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	AM	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	AN	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	AO	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	AP	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	AQ	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	AR	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	AS	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	AT	0.93	0/2366	0.94	0/2947
1	AU	0.92	0/1682	0.94	0/2085
1	AV	0.93	0/2145	0.94	0/2669
1	AW	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	AX	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	AY	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	AZ	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	BA	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	BB	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	BC	0.93	0/2451	0.94	0/3062
1	BD	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	BE	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	BF	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	BG	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	BH	0.93	0/2635	0.94	0/3292

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	# Z >5	RMSZ	# Z >5
1	BI	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	BJ	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	BK	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	BL	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	BM	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	BN	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	BO	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	BP	0.93	0/2366	0.94	0/2947
1	BQ	0.92	0/1682	0.94	0/2085
1	BR	0.93	0/2145	0.94	0/2669
1	BS	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	BT	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	BU	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	BV	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	BW	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	BX	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	BY	0.93	0/2451	0.94	0/3062
1	BZ	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	CA	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	CB	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	CC	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	CD	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	CE	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	CF	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	CG	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	CH	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	CI	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	CJ	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	CK	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	CL	0.93	0/2366	0.94	0/2947
1	CM	0.92	0/1682	0.94	0/2085
1	CN	0.93	0/2145	0.94	0/2669
1	CO	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	CP	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	CQ	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	CR	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	CS	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	CT	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	CU	0.93	0/2451	0.94	0/3062
1	CV	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	CW	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	CX	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	CY	0.93	0/2631	0.94	0/3287

Mol	Chain	Bond lengths		Bond angles	
		RMSZ	# Z >5	RMSZ	# Z >5
1	CZ	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	DA	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	DB	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	DC	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	DD	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	DE	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	DF	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	DG	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	DH	0.93	0/2366	0.94	0/2947
1	DI	0.92	0/1682	0.94	0/2085
1	DJ	0.93	0/2145	0.94	0/2669
1	DK	0.92	0/2635	0.94	0/3292
1	DL	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	DM	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	DN	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	DO	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	DP	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	DQ	0.93	0/2451	0.94	0/3062
1	DR	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	DS	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	DT	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	DU	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	DV	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	DW	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	DX	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	DY	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	DZ	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	EA	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	EB	0.93	0/2635	0.94	0/3292
1	EC	0.93	0/2631	0.94	0/3287
1	ED	0.93	0/2366	0.94	0/2947
1	EE	0.92	0/1682	0.94	0/2085
1	EF	0.93	0/2145	0.94	0/2669
All	All	0.93	0/280190	0.94	0/349870

There are no bond length outliers.

There are no bond angle outliers.

There are no chirality outliers.

There are no planarity outliers.

5.2 Too-close contacts ⓘ

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

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	AA	2636	0	696	2	0
1	AB	2632	0	694	4	0
1	AC	2636	0	696	2	0
1	AD	2632	0	694	4	0
1	AE	2636	0	696	2	0
1	AF	2632	0	694	3	0
1	AG	2452	0	649	2	0
1	AH	2636	0	696	2	0
1	AI	2632	0	694	4	0
1	AJ	2636	0	696	2	0
1	AK	2632	0	694	4	0
1	AL	2636	0	696	2	0
1	AM	2632	0	694	3	0
1	AN	2636	0	696	2	0
1	AO	2632	0	694	4	0
1	AP	2636	0	696	2	0
1	AQ	2632	0	694	4	0
1	AR	2636	0	696	2	0
1	AS	2632	0	694	4	0
1	AT	2372	0	625	0	0
1	AU	1692	0	436	0	0
1	AV	2152	0	556	0	0
1	AW	2636	0	696	2	0
1	AX	2632	0	694	3	0
1	AY	2636	0	696	2	0
1	AZ	2632	0	694	4	0
1	BA	2636	0	696	2	0
1	BB	2632	0	694	3	0
1	BC	2452	0	649	3	0
1	BD	2636	0	696	2	0
1	BE	2632	0	694	4	0
1	BF	2636	0	696	2	0
1	BG	2632	0	694	4	0
1	BH	2636	0	696	2	0
1	BI	2632	0	694	4	0
1	BJ	2636	0	696	2	0
1	BK	2632	0	694	4	0

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	BL	2636	0	696	2	0
1	BM	2632	0	694	3	0
1	BN	2636	0	696	2	0
1	BO	2632	0	694	3	0
1	BP	2372	0	625	0	0
1	BQ	1692	0	436	0	0
1	BR	2152	0	556	0	0
1	BS	2636	0	696	2	0
1	BT	2632	0	694	2	0
1	BU	2636	0	696	2	0
1	BV	2632	0	694	4	0
1	BW	2636	0	696	2	0
1	BX	2632	0	694	3	0
1	BY	2452	0	649	3	0
1	BZ	2636	0	696	2	0
1	CA	2632	0	694	4	0
1	CB	2636	0	696	2	0
1	CC	2632	0	694	4	0
1	CD	2636	0	696	2	0
1	CE	2632	0	694	4	0
1	CF	2636	0	696	2	0
1	CG	2632	0	694	4	0
1	CH	2636	0	696	2	0
1	CI	2632	0	694	4	0
1	CJ	2636	0	696	2	0
1	CK	2632	0	694	4	0
1	CL	2372	0	625	0	0
1	CM	1692	0	436	0	0
1	CN	2152	0	556	0	0
1	CO	2636	0	696	2	0
1	CP	2632	0	694	3	0
1	CQ	2636	0	696	2	0
1	CR	2632	0	694	4	0
1	CS	2636	0	696	2	0
1	CT	2632	0	694	3	0
1	CU	2452	0	649	3	0
1	CV	2636	0	696	2	0
1	CW	2632	0	694	4	0
1	CX	2636	0	696	2	0
1	CY	2632	0	694	4	0
1	CZ	2636	0	696	2	0
1	DA	2632	0	694	4	0

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Non-H	H(model)	H(added)	Clashes	Symm-Clashes
1	DB	2636	0	696	2	0
1	DC	2632	0	694	3	0
1	DD	2636	0	696	2	0
1	DE	2632	0	694	4	0
1	DF	2636	0	696	2	0
1	DG	2632	0	694	3	0
1	DH	2372	0	625	0	0
1	DI	1692	0	436	0	0
1	DJ	2152	0	556	0	0
1	DK	2636	0	696	2	0
1	DL	2632	0	694	4	0
1	DM	2636	0	696	2	0
1	DN	2632	0	694	4	0
1	DO	2636	0	696	2	0
1	DP	2632	0	694	3	0
1	DQ	2452	0	649	3	0
1	DR	2636	0	696	2	0
1	DS	2632	0	694	4	0
1	DT	2636	0	696	2	0
1	DU	2632	0	694	3	0
1	DV	2636	0	696	2	0
1	DW	2632	0	694	3	0
1	DX	2636	0	696	2	0
1	DY	2632	0	694	4	0
1	DZ	2636	0	696	2	0
1	EA	2632	0	694	3	0
1	EB	2636	0	696	2	0
1	EC	2632	0	694	3	0
1	ED	2372	0	625	0	0
1	EE	1692	0	436	0	0
1	EF	2152	0	556	0	0
All	All	280400	0	73880	133	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 0.

The worst 5 of 133 close contacts within the same asymmetric unit are listed below, sorted by their clash magnitude.

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:AZ:43:GLY:HA3	1:CK:44:THR:O	2.04	0.58
1:AK:43:GLY:HA3	1:AO:44:THR:O	2.04	0.57

Continued on next page...

Continued from previous page...

Atom-1	Atom-2	Interatomic distance (Å)	Clash overlap (Å)
1:AS:44:THR:O	1:CR:43:GLY:HA3	2.04	0.57
1:BC:43:GLY:HA3	1:DP:44:THR:O	2.04	0.57
1:DL:43:GLY:HA3	1:EA:44:THR:O	2.04	0.57

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	
1	AA	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	AB	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	AC	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	AD	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	AE	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	AF	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	AG	611/697 (88%)	566 (93%)	45 (7%)	0	100	100
1	AH	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	AI	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	AJ	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	AK	656/697 (94%)	604 (92%)	52 (8%)	0	100	100
1	AL	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	AM	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	AN	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	AO	656/697 (94%)	604 (92%)	52 (8%)	0	100	100
1	AP	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	AQ	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	AR	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	AS	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	AT	581/697 (83%)	538 (93%)	43 (7%)	0	100	100
1	AU	403/697 (58%)	376 (93%)	27 (7%)	0	100	100
1	AV	524/697 (75%)	489 (93%)	35 (7%)	0	100	100
1	AW	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	AX	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	AY	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	AZ	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	BA	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	BB	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	BC	611/697 (88%)	566 (93%)	45 (7%)	0	100	100
1	BD	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	BE	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	BF	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	BG	656/697 (94%)	604 (92%)	52 (8%)	0	100	100
1	BH	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	BI	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	BJ	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	BK	656/697 (94%)	604 (92%)	52 (8%)	0	100	100
1	BL	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	BM	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	BN	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	BO	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	BP	581/697 (83%)	538 (93%)	43 (7%)	0	100	100
1	BQ	403/697 (58%)	376 (93%)	27 (7%)	0	100	100
1	BR	524/697 (75%)	489 (93%)	35 (7%)	0	100	100
1	BS	657/697 (94%)	613 (93%)	44 (7%)	0	100	100
1	BT	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	BU	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	BV	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	BW	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	BX	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	BY	611/697 (88%)	566 (93%)	45 (7%)	0	100	100
1	BZ	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	CA	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	CB	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	CC	656/697 (94%)	604 (92%)	52 (8%)	0	100	100
1	CD	657/697 (94%)	613 (93%)	44 (7%)	0	100	100
1	CE	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	CF	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	CG	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	CH	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	CI	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	CJ	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	CK	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	CL	581/697 (83%)	538 (93%)	43 (7%)	0	100	100
1	CM	403/697 (58%)	376 (93%)	27 (7%)	0	100	100
1	CN	524/697 (75%)	489 (93%)	35 (7%)	0	100	100
1	CO	657/697 (94%)	613 (93%)	44 (7%)	0	100	100
1	CP	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	CQ	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	CR	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	CS	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	CT	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	CU	611/697 (88%)	566 (93%)	45 (7%)	0	100	100
1	CV	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	CW	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	CX	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	CY	656/697 (94%)	604 (92%)	52 (8%)	0	100	100
1	CZ	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	DA	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
1	DB	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	DC	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	DD	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	DE	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	DF	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	DG	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	DH	581/697 (83%)	538 (93%)	43 (7%)	0	100	100
1	DI	403/697 (58%)	376 (93%)	27 (7%)	0	100	100
1	DJ	524/697 (75%)	489 (93%)	35 (7%)	0	100	100
1	DK	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	DL	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	DM	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	DN	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	DO	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	DP	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	DQ	611/697 (88%)	566 (93%)	45 (7%)	0	100	100
1	DR	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	DS	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	DT	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	DU	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	DV	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	DW	656/697 (94%)	604 (92%)	52 (8%)	0	100	100
1	DX	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	DY	656/697 (94%)	604 (92%)	52 (8%)	0	100	100
1	DZ	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	EA	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	EB	657/697 (94%)	614 (94%)	43 (6%)	0	100	100
1	EC	656/697 (94%)	603 (92%)	53 (8%)	0	100	100
1	ED	581/697 (83%)	538 (93%)	43 (7%)	0	100	100
1	EE	403/697 (58%)	376 (93%)	27 (7%)	0	100	100
1	EF	524/697 (75%)	489 (93%)	35 (7%)	0	100	100

Continued on next page...

Continued from previous page...

Mol	Chain	Analysed	Favoured	Allowed	Outliers	Percentiles	
All	All	69680/76670 (91%)	64615 (93%)	5065 (7%)	0	100	100

There are no Ramachandran outliers to report.

5.3.2 Protein sidechains [i](#)

There are no protein residues with a non-rotameric sidechain to report in this entry.

5.3.3 RNA [i](#)

There are no RNA molecules in this entry.

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

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

5.5 Carbohydrates [i](#)

There are no monosaccharides in this entry.

5.6 Ligand geometry [i](#)

There are no ligands in this entry.

5.7 Other polymers [i](#)

There are no such residues in this entry.

5.8 Polymer linkage issues [i](#)

There are no chain breaks in this entry.

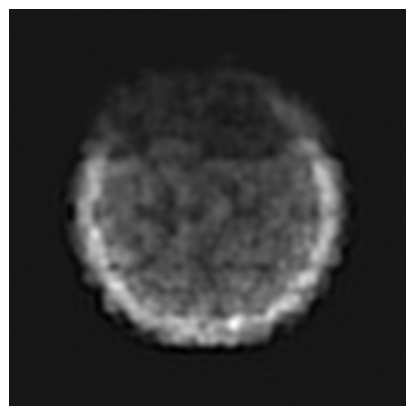
6 Map visualisation [i](#)

This section contains visualisations of the EMDB entry EMD-14963. These allow visual inspection of the internal detail of the map and identification of artifacts.

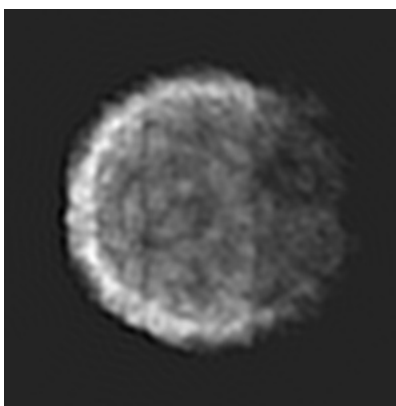
Images derived from a raw map, generated by summing the deposited half-maps, are presented below the corresponding image components of the primary map to allow further visual inspection and comparison with those of the primary map.

6.1 Orthogonal projections [i](#)

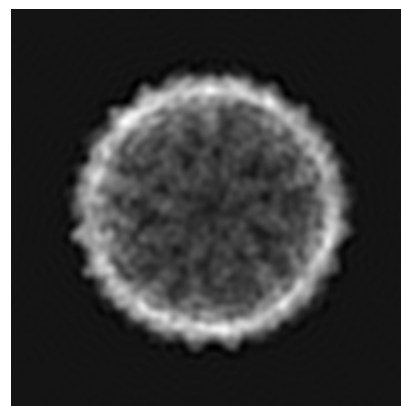
6.1.1 Primary map



X

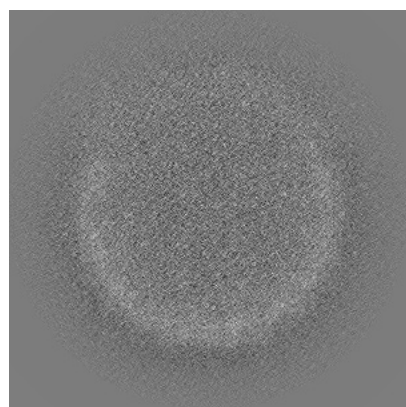


Y

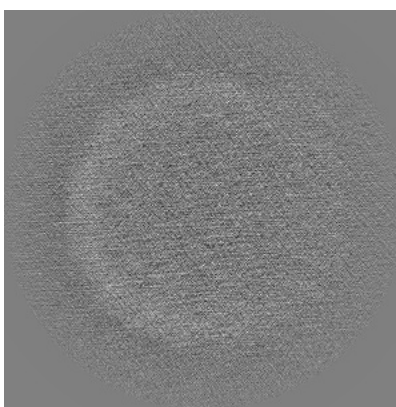


Z

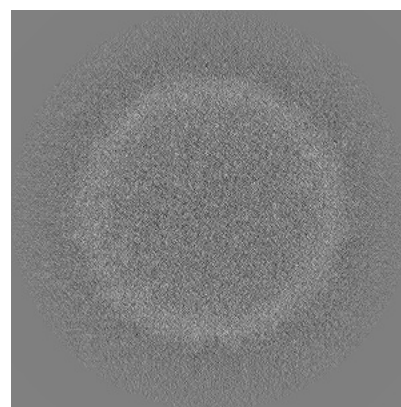
6.1.2 Raw map



X



Y



Z

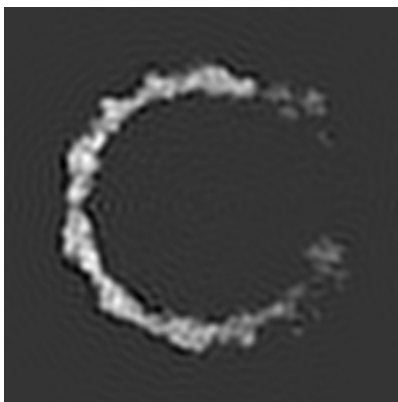
The images above show the map projected in three orthogonal directions.

6.2 Central slices [i](#)

6.2.1 Primary map



X Index: 280

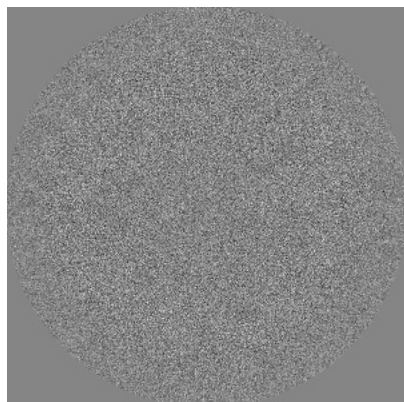


Y Index: 280

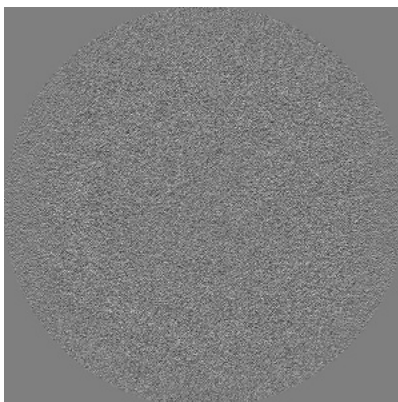


Z Index: 280

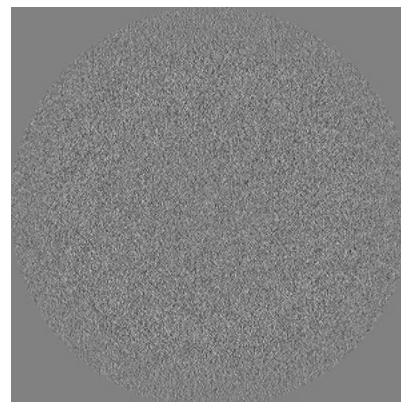
6.2.2 Raw map



X Index: 280



Y Index: 280

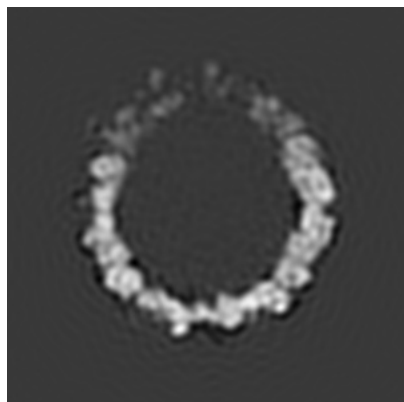


Z Index: 280

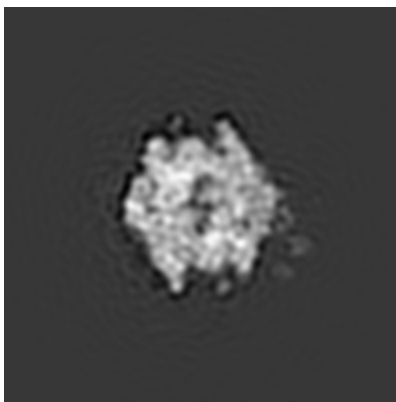
The images above show central slices of the map in three orthogonal directions.

6.3 Largest variance slices [i](#)

6.3.1 Primary map



X Index: 185

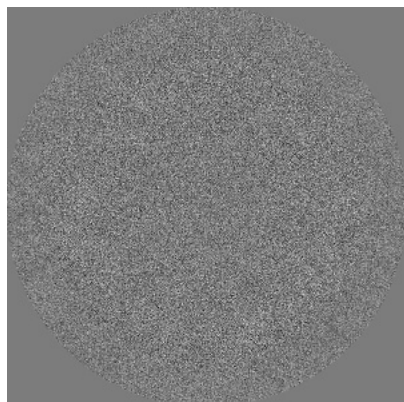


Y Index: 116

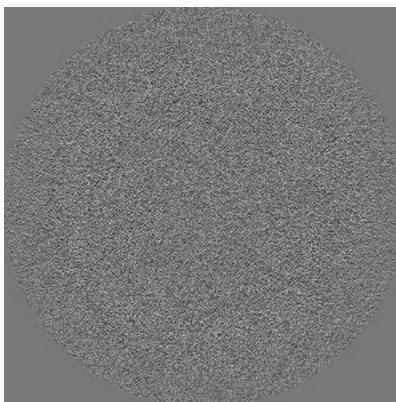


Z Index: 144

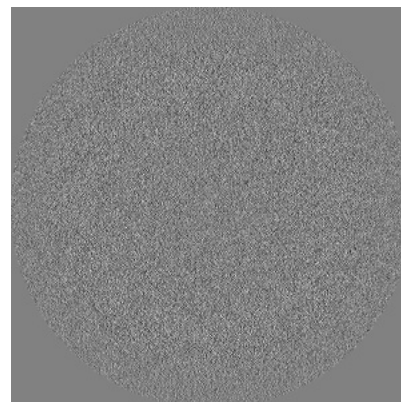
6.3.2 Raw map



X Index: 300



Y Index: 272

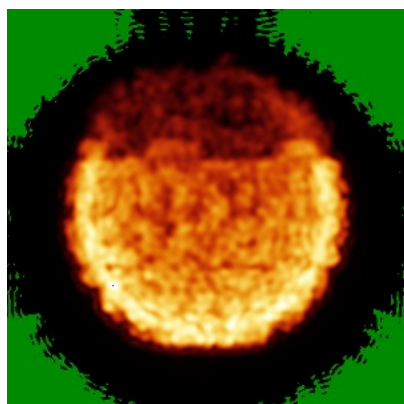


Z Index: 280

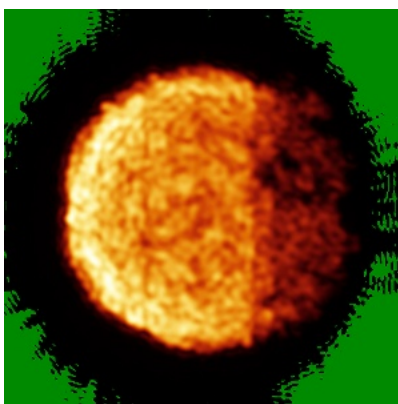
The images above show the largest variance slices of the map in three orthogonal directions.

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

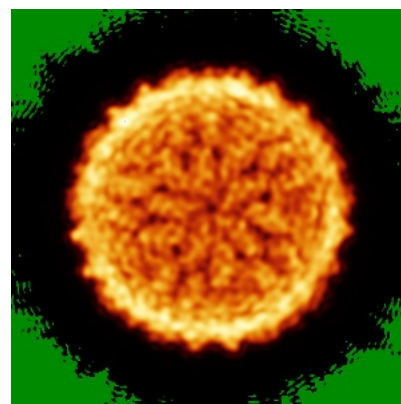
6.4.1 Primary map



X

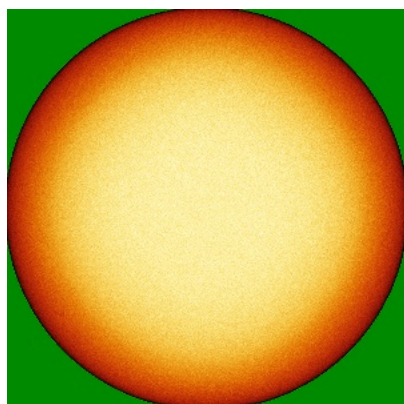


Y

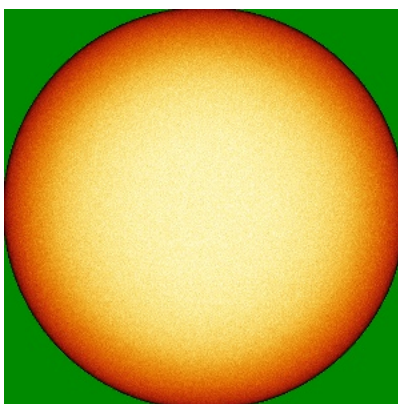


Z

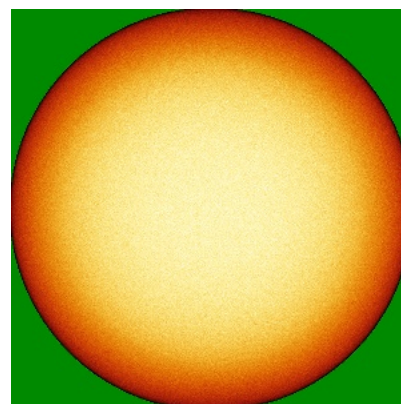
6.4.2 Raw map



X



Y

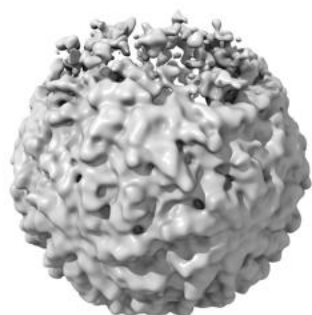


Z

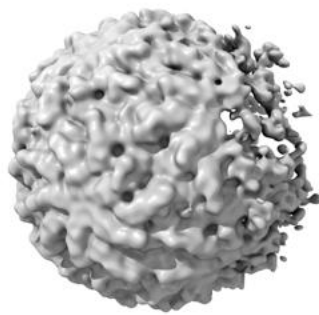
The images above show the map standard deviation projections with false color in three orthogonal directions. Minimum values are shown in green, max in blue, and dark to light orange shades represent small to large values respectively.

6.5 Orthogonal surface views [i](#)

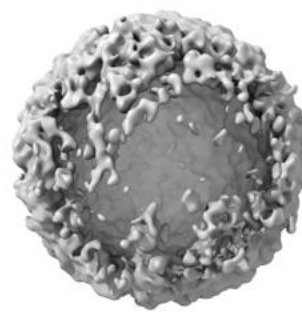
6.5.1 Primary map



X



Y



Z

The images above show the 3D surface view of the map at the recommended contour level 1.0. These images, in conjunction with the slice images, may facilitate assessment of whether an appropriate contour level has been provided.

6.5.2 Raw map



X



Y



Z

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

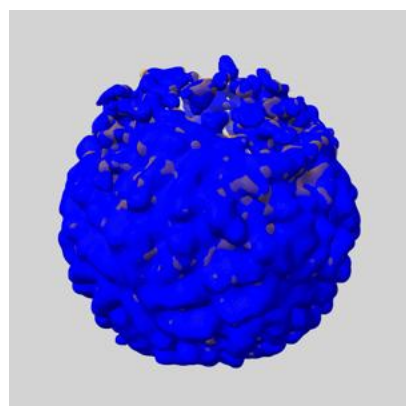
6.6 Mask visualisation [i](#)

This section shows the 3D surface view of the primary map at 50% transparency overlaid with the specified mask at 0% transparency

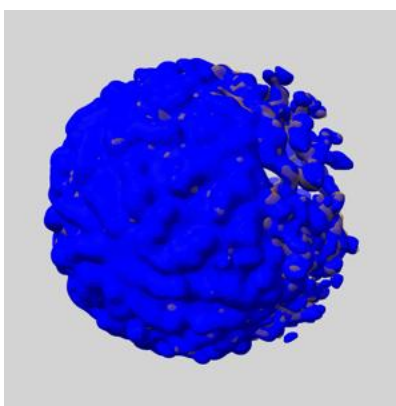
A mask typically either:

- Encompasses the whole structure
- Separates out a domain, a functional unit, a monomer or an area of interest from a larger structure

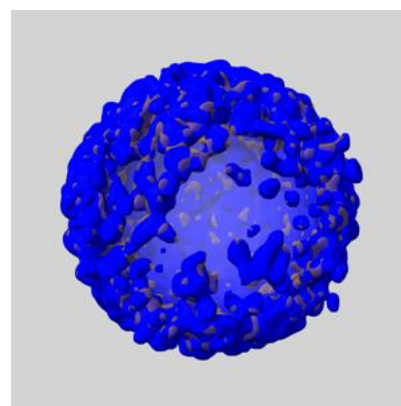
6.6.1 emd_14963_msk_1.map [i](#)



X



Y

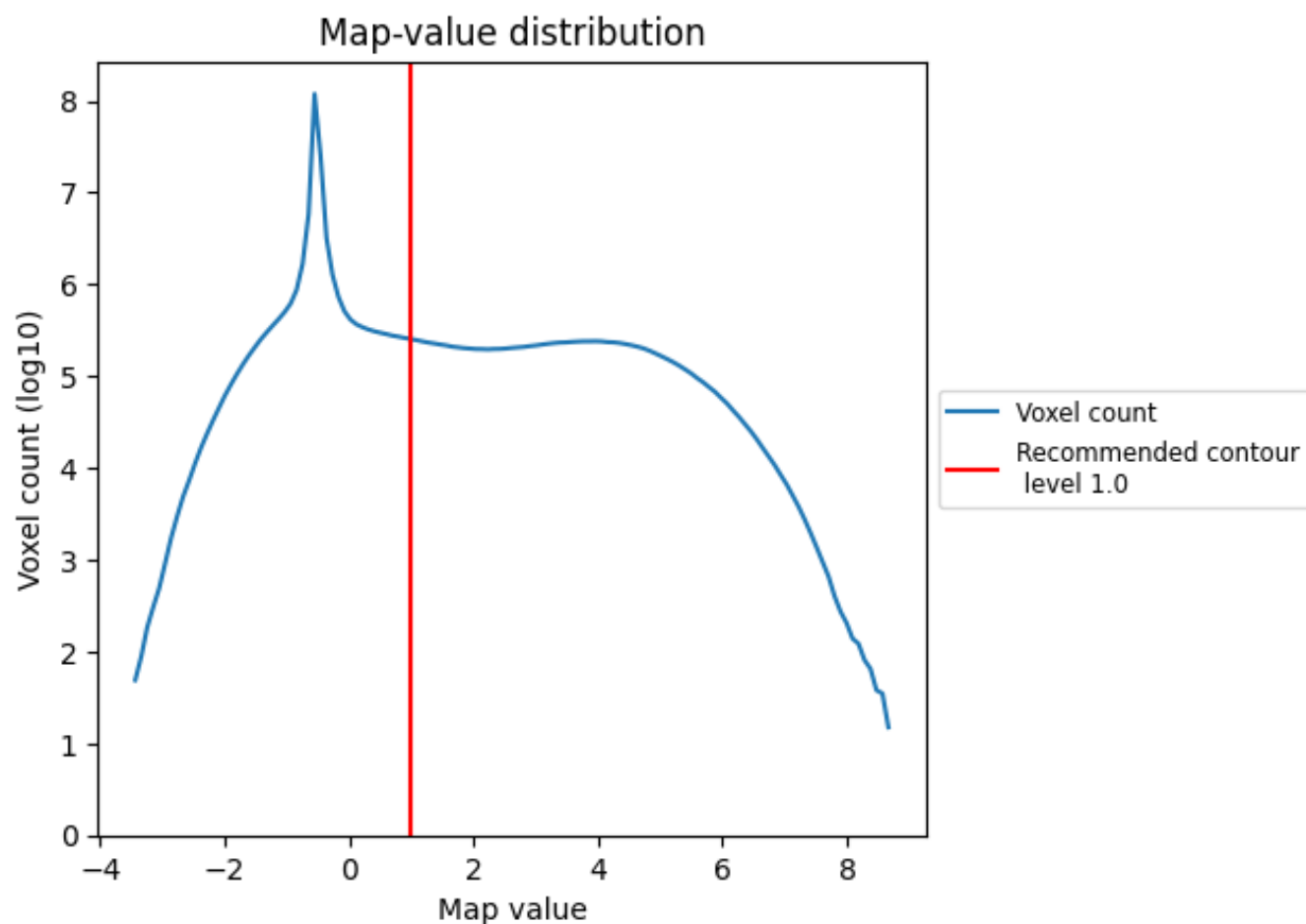


Z

7 Map analysis [i](#)

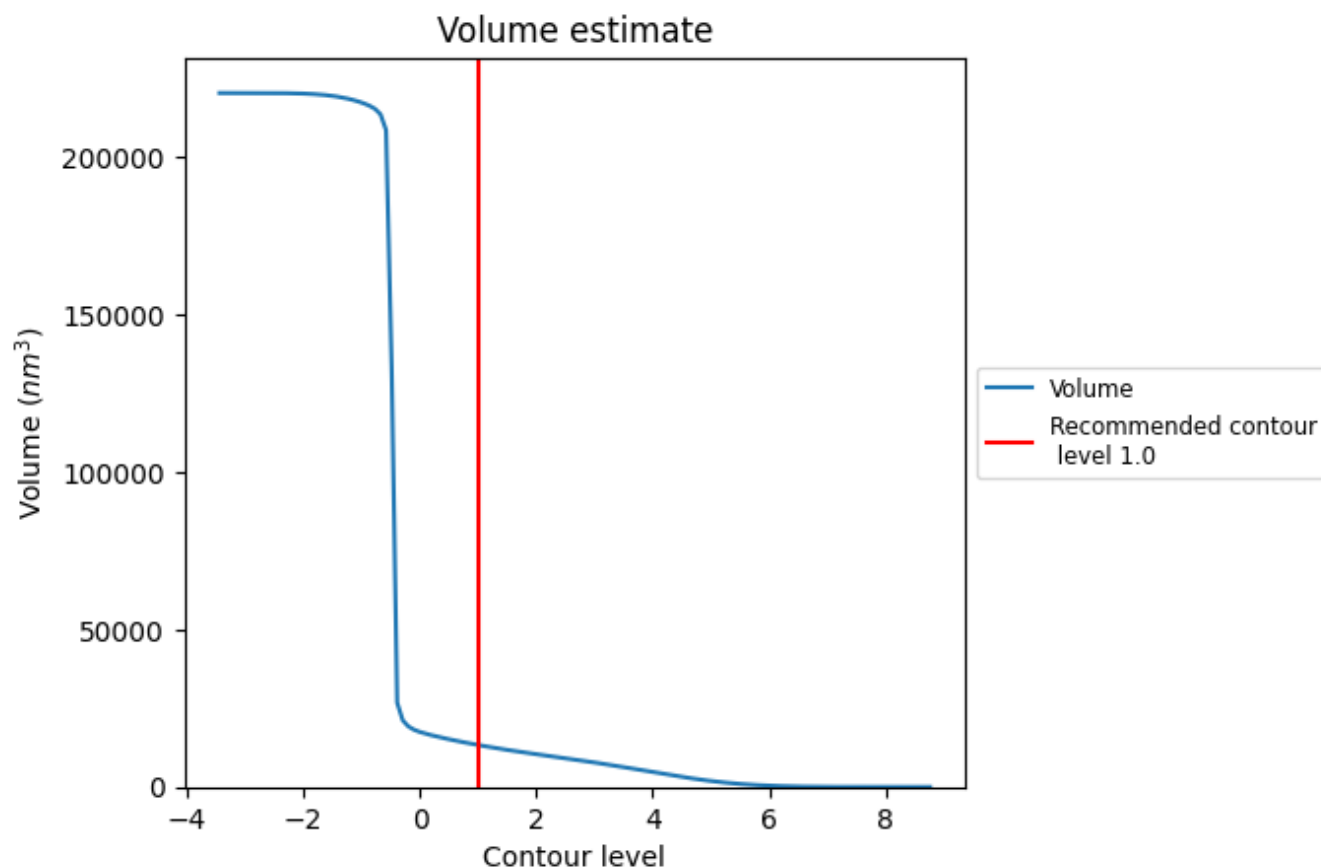
This section contains the results of statistical analysis of the map.

7.1 Map-value distribution [i](#)



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

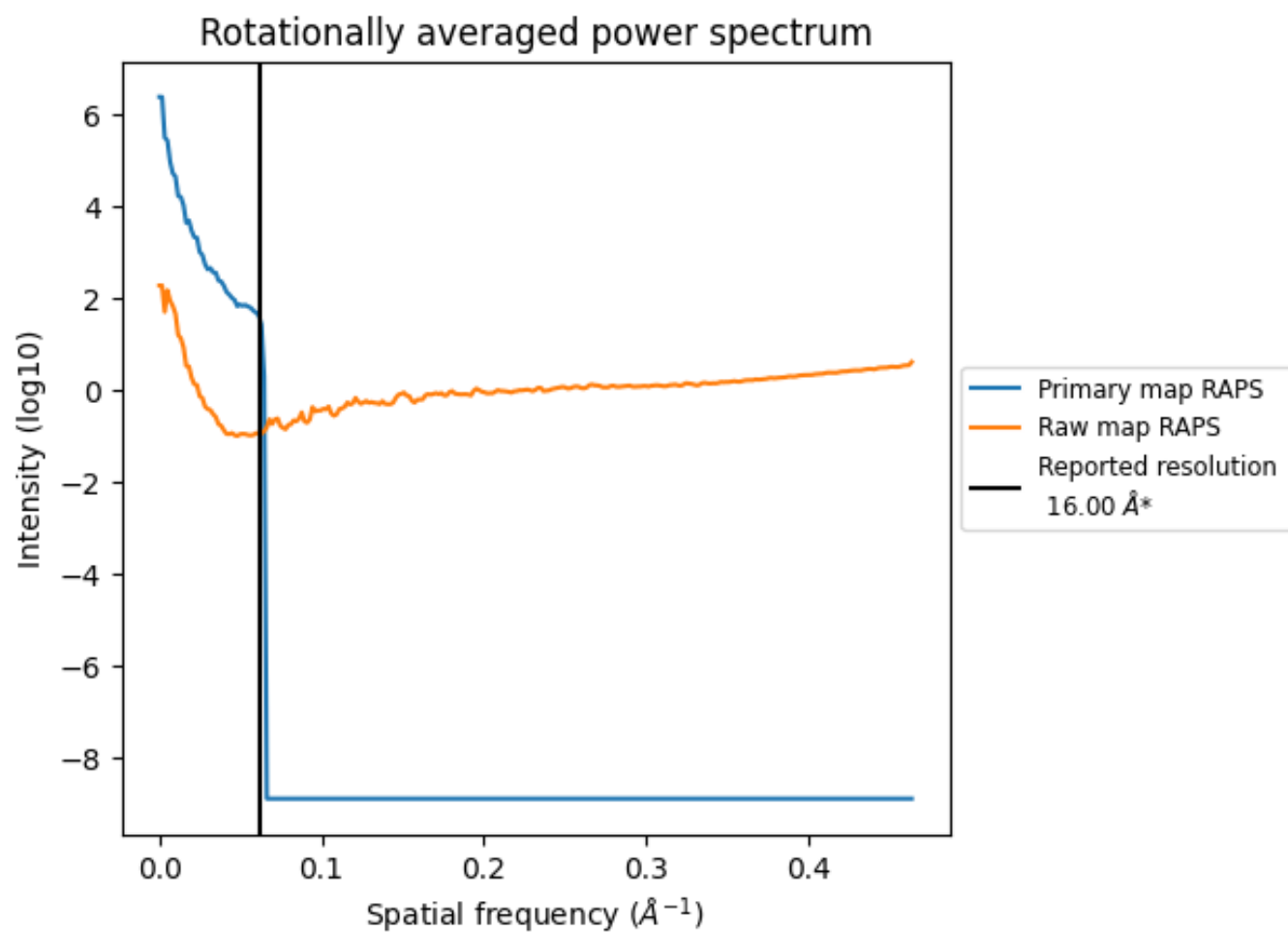
7.2 Volume estimate [i](#)



The volume at the recommended contour level is 13348 nm³; this corresponds to an approximate mass of 12058 kDa.

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

7.3 Rotationally averaged power spectrum ⓘ

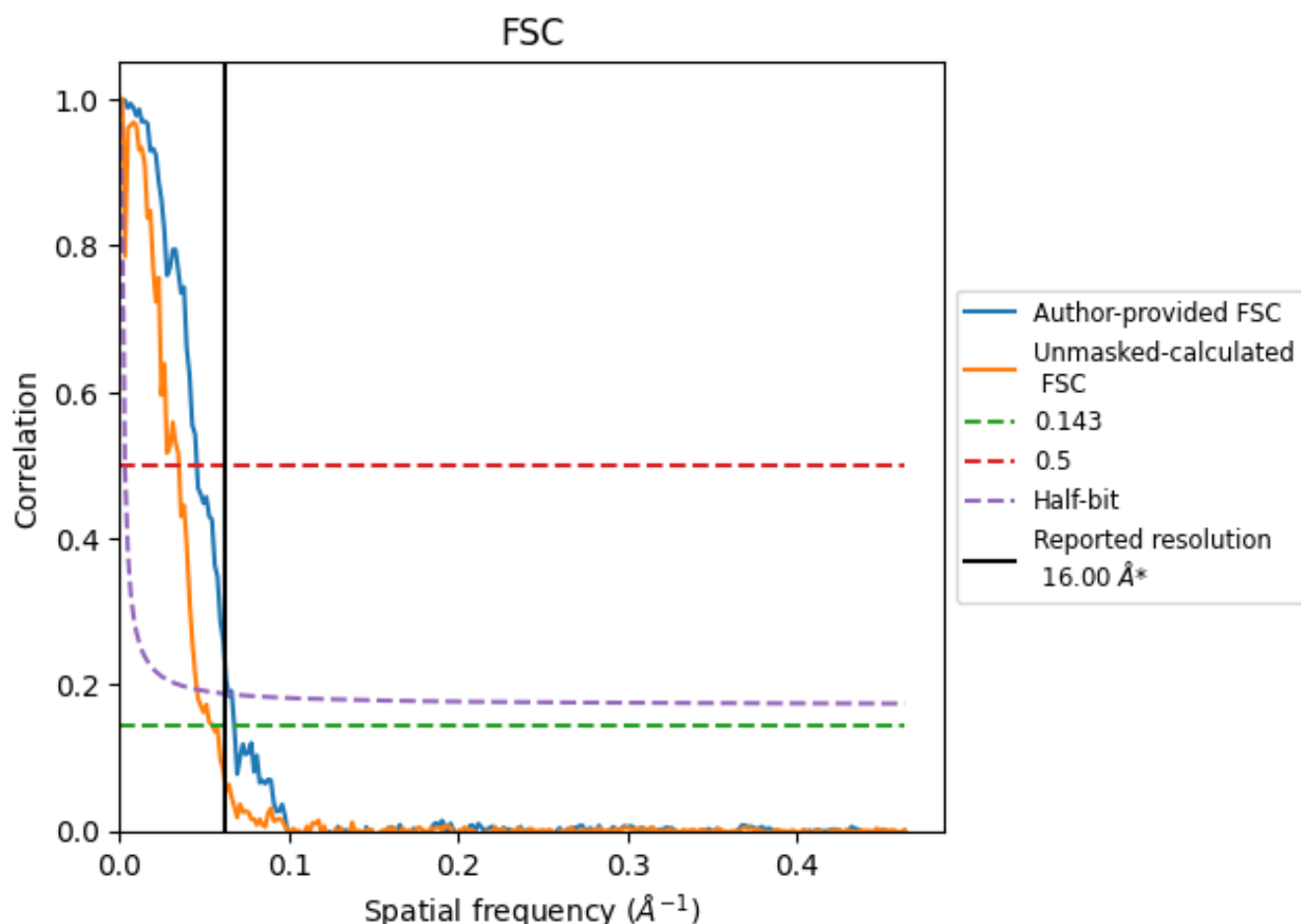


*Reported resolution corresponds to spatial frequency of 0.062 \AA^{-1}

8 Fourier-Shell correlation [i](#)

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

8.1 FSC [i](#)



*Reported resolution corresponds to spatial frequency of 0.062 Å⁻¹

8.2 Resolution estimates [i](#)

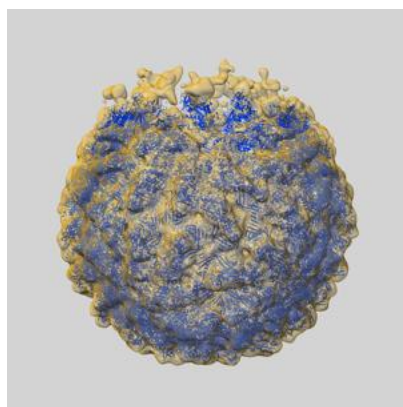
Resolution estimate (Å)	Estimation criterion (FSC cut-off)		
	0.143	0.5	Half-bit
Reported by author	16.00	-	-
Author-provided FSC curve	14.75	21.93	15.53
Unmasked-calculated*	18.18	28.49	21.88

*Resolution estimate based on FSC curve calculated by comparison of deposited half-maps. The value from deposited half-maps intersecting FSC 0.143 CUT-OFF 18.18 differs from the reported value 16.0 by more than 10 %

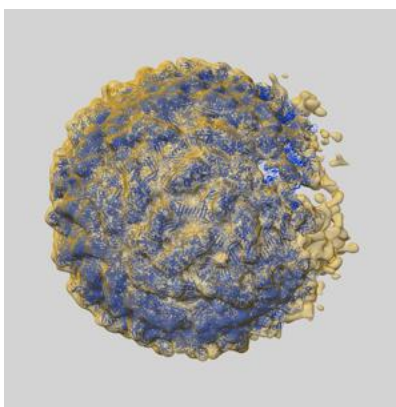
9 Map-model fit [i](#)

This section contains information regarding the fit between EMDB map EMD-14963 and PDB model 7ZTS. Per-residue inclusion information can be found in section [3](#) on page [14](#).

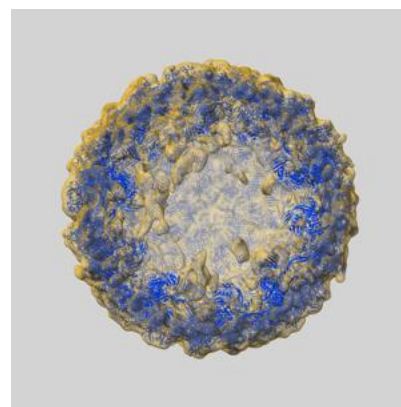
9.1 Map-model overlay [i](#)



X



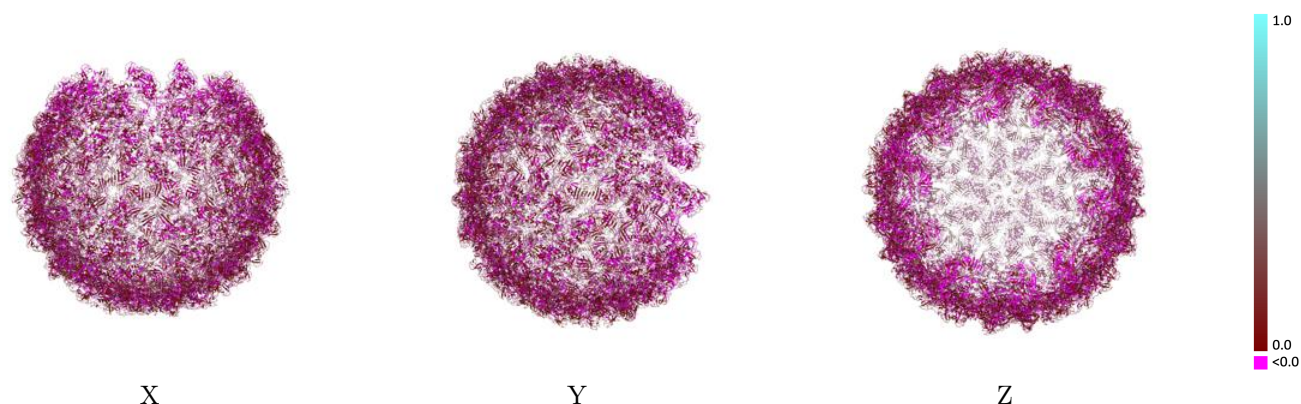
Y



Z

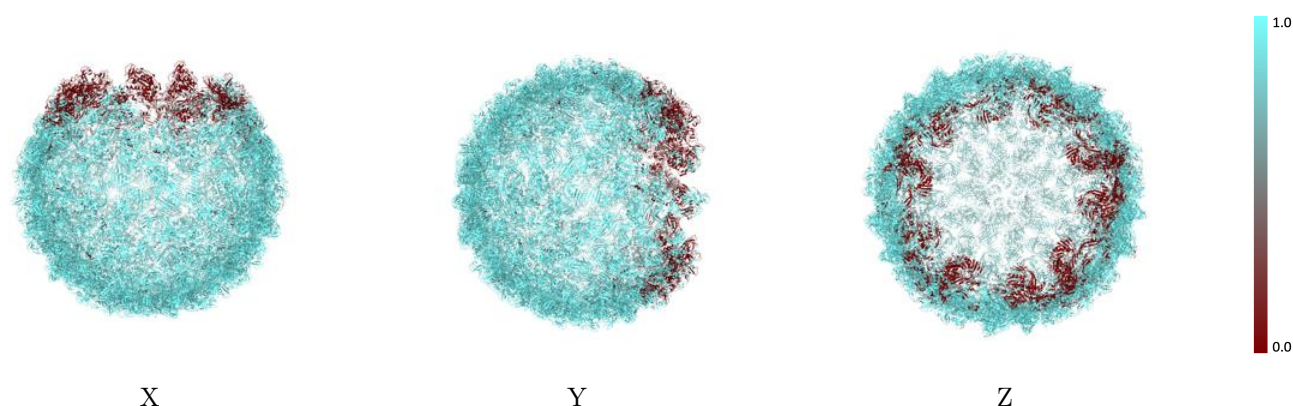
The images above show the 3D surface view of the map at the recommended contour level 1.0 at 50% transparency in yellow overlaid with a ribbon representation of the model coloured in blue. These images allow for the visual assessment of the quality of fit between the atomic model and the map.

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



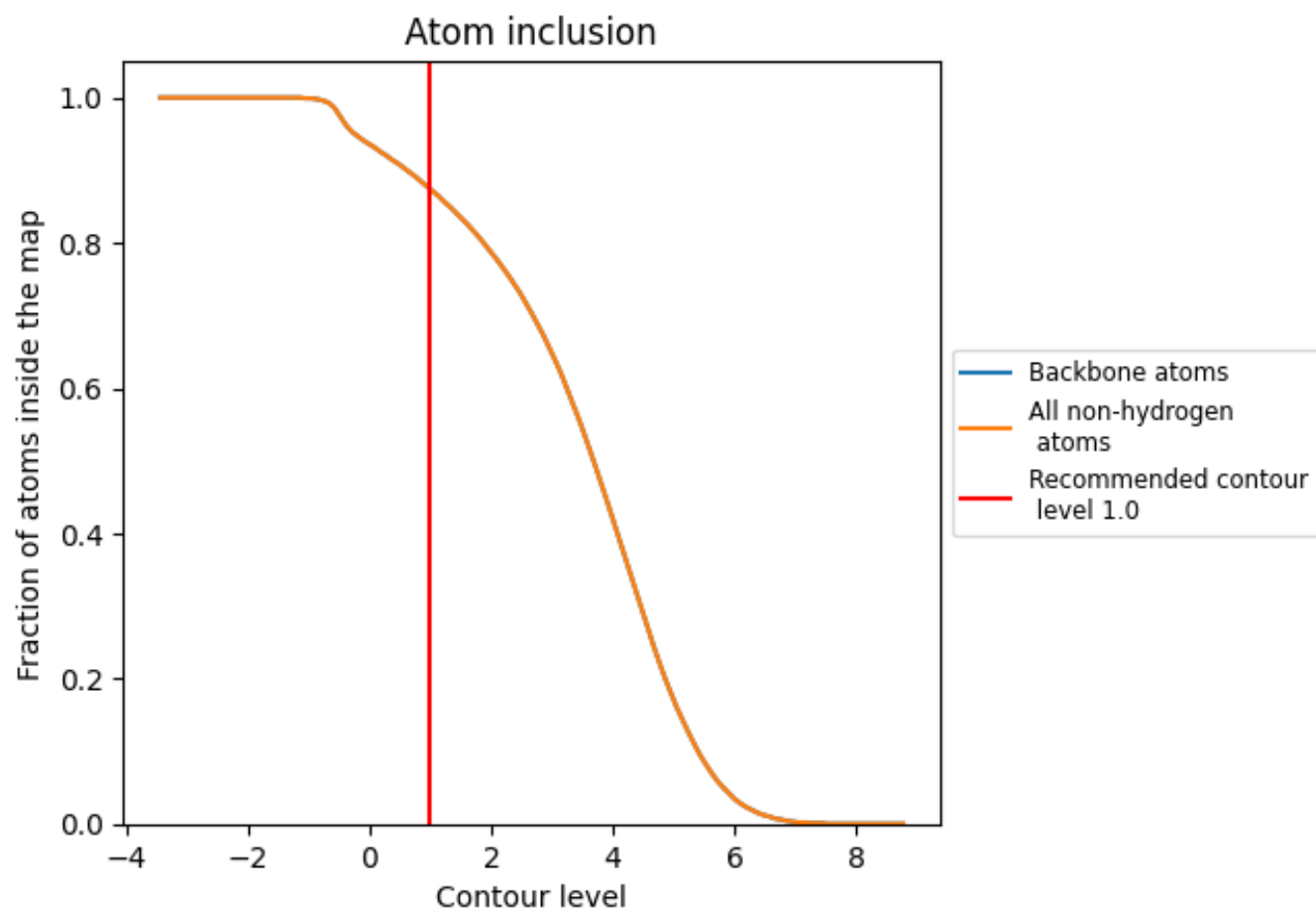
The images above show the model with each residue coloured according its Q-score. This shows their resolvability in the map with higher Q-score values reflecting better resolvability. Please note: Q-score is calculating the resolvability of atoms, and thus high values are only expected at resolutions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

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



The images above show the model with each residue coloured according to its atom inclusion. This shows to what extent they are inside the map at the recommended contour level (1.0).







































































9.4 Atom inclusion [i](#)



At the recommended contour level, 87% of all backbone atoms, 87% of all non-hydrogen atoms, are inside the map.

9.5 Map-model fit summary ⓘ





















































































The table lists the average atom inclusion at the recommended contour level (1.0) and Q-score for the entire model and for each chain.

Chain	Atom inclusion	Q-score
All	 0.8740	 0.0510
AA	 0.9900	 0.0730
AB	 0.9880	 0.0650
AC	 0.9900	 0.0690
AD	 0.9950	 0.0690
AE	 0.9580	 0.0620
AF	 0.5660	 0.0250
AG	 0.9580	 0.0540
AH	 0.9920	 0.0690
AI	 0.9930	 0.0550
AJ	 0.9850	 0.0620
AK	 0.9760	 0.0520
AL	 0.9820	 0.0540
AM	 0.9680	 0.0550
AN	 0.9880	 0.0590
AO	 0.9920	 0.0580
AP	 0.9930	 0.0740
AQ	 0.9900	 0.0640
AR	 0.9970	 0.0670
AS	 0.9960	 0.0660
AT	 0.2820	 0.0010
AU	 0.5750	 0.0060
AV	 0.1310	 -0.0140
AW	 0.9940	 0.0630
AX	 0.9880	 0.0600
AY	 0.9940	 0.0650
AZ	 0.9940	 0.0580
BA	 0.9240	 0.0520
BB	 0.4040	 0.0220
BC	 0.9630	 0.0480
BD	 0.9770	 0.0520
BE	 0.9590	 0.0600
BF	 0.9880	 0.0610
BG	 0.9750	 0.0490
BH	 0.9680	 0.0590







































































Continued on next page...

Continued from previous page...

Chain	Atom inclusion	Q-score
BI	 0.9590	 0.0480
BJ	 0.9730	 0.0600
BK	 0.9840	 0.0530
BL	 0.9950	 0.0620
BM	 0.9840	 0.0660
BN	 0.9940	 0.0660
BO	 0.9960	 0.0590
BP	 0.0900	 -0.0120
BQ	 0.4760	 -0.0080
BR	 0.0400	 -0.0050
BS	 0.9970	 0.0620
BT	 0.9960	 0.0620
BU	 0.9910	 0.0640
BV	 0.9880	 0.0540
BW	 0.9320	 0.0460
BX	 0.4290	 0.0190
BY	 0.8510	 0.0390
BZ	 0.9640	 0.0610
CA	 0.9720	 0.0500
CB	 0.9760	 0.0560
CC	 0.8990	 0.0460
CD	 0.9570	 0.0480
CE	 0.9310	 0.0570
CF	 0.9650	 0.0620
CG	 0.9710	 0.0450
CH	 0.9940	 0.0660
CI	 0.9920	 0.0570
CJ	 0.9810	 0.0590
CK	 0.9880	 0.0610
CL	 0.0620	 -0.0090
CM	 0.3090	 0.0010
CN	 0.0600	 0.0030
CO	 0.9950	 0.0690
CP	 0.9990	 0.0700
CQ	 0.9920	 0.0670
CR	 0.9910	 0.0560
CS	 0.9820	 0.0540
CT	 0.7330	 0.0260
CU	 0.8270	 0.0360
CV	 0.9930	 0.0600
CW	 0.9910	 0.0630
CX	 0.9860	 0.0590

Continued on next page...

Continued from previous page...

Chain	Atom inclusion	Q-score
CY	 0.9770	 0.0530
CZ	 0.9500	 0.0560
DA	 0.9300	 0.0450
DB	 0.9820	 0.0540
DC	 0.9930	 0.0560
DD	 0.9960	 0.0680
DE	 0.9970	 0.0690
DF	 0.9790	 0.0610
DG	 0.9960	 0.0670
DH	 0.2900	 0.0100
DI	 0.2650	 0.0130
DJ	 0.4750	 -0.0070
DK	 0.9920	 0.0670
DL	 0.9960	 0.0690
DM	 0.9910	 0.0750
DN	 0.9920	 0.0650
DO	 0.9720	 0.0670
DP	 0.5430	 0.0300
DQ	 0.8780	 0.0400
DR	 0.9900	 0.0630
DS	 0.9850	 0.0590
DT	 0.9830	 0.0700
DU	 0.9790	 0.0520
DV	 0.9610	 0.0490
DW	 0.9620	 0.0580
DX	 0.9740	 0.0580
DY	 0.9840	 0.0530
DZ	 0.9880	 0.0720
EA	 0.9900	 0.0630
EB	 0.9920	 0.0620
EC	 0.9910	 0.0650
ED	 0.2210	 0.0030
EE	 0.4950	 0.0160
EF	 0.0890	 0.0020