SOURCE\_SEQ

* Seq-id (header van de reads, om sequentie en resultaten te identificeren)
* Match-found-bool (Boolean om de sequenties met resultaat makkelijk te filteren)
* Nucleotide-sequence (bevat de reads van het sequencen)

BLAST\_RESULT

* SOURCE\_SEQ\_seq-id (foreign key die verwijst naar de seq-id in de SOURCE\_SEQ table)
* amount-hits (integer met het aantal gevonden resultaten per sequence)
* result(1-10) (colommen met daarin de resultaten van het blastscript)

MATCH\_INFO

* Heeft nog geen praktisch nut, is een idee voor in de toekomst