

Dataset

.foldrec:

Scores d'alignements:

En-tête de la partie (encadré par ***)

*** HITS RANKED ***

Nom et longueur de la cible

SEQUENCE QUERY FILE : CBM_2, 103 aa.

| # | Score | Ungaped_score | Pvalue_Q | Pscore | PQTscore | P-Value_T | Q. Length | T. Length | Q. begin-end | T. begin-end | HITS |
|---|---------|---------------|----------|--------|----------|----------------|-----------|-----------|--------------|--------------|-----------------------------|
| 1 | 451.246 | 128.122 | 3.12E-18 | 15.044 | 1.000 | 1.256 0.00E+00 | 103 | 103 | 1-103 | 1-103 | CBM_20 : b.3.1.1 |
| 2 | 119.515 | -88.751 | 2.66E-02 | 11.105 | 0.922 | 0.015 5.32E-02 | 103 | 686 | 1-103 | 1-686 | Cyclodex_gly_tran : b.3.1.1 |

Score brut d'ORION

Position dans le classement

Nom du template

Identifiant SCOP du template

Dataset

.foldrec:

Scores d'alignements **!! Equipes amont: changer les valeurs non calculées par des XXX comme ici:**

*** HITS RANKED ***

SEQUENCE QUERY FILE : CBM_2, 103 aa.

| # | Score | Ungaped_score | Pvalue_Q | Pscore | PQTscore | P-Value_T | Q. Length |
|---|-------|---------------|--------------|--------------|----------|-----------|-----------|
| | | T. Length | Q. begin-end | T. begin-end | HITS | | |

| | | | | | | | |
|---|---------|-------------|-------------|---------|---------|---------|-----------------------------|
| 1 | 451.246 | XXX XXX XXX | XXX XXX XXX | XXX XXX | XXX XXX | XXX XXX | CBM_20 : b.3.1.1 |
| 2 | 119.515 | XXX XXX XXX | XXX XXX XXX | XXX XXX | XXX XXX | XXX XXX | Cyclodex_gly_tran : b.3.1.1 |

.foldrec: Alignements

[illegible]

Dataset

.foldrec: Alignements /\ Mettez des XXX pour certaines zones (équipes amont)

*** ALIGNMENTS DETAILS ***

No 3

Alignment : CBM 2, 103 aa. vs alpha-amylase N : b.1.18.2

Score : 57.913 | Normalized score : XXX | Query coverage : 100.00% | Identity : 4.90% | Gaps : 15.70% | SS Score : XXX | Alignment length : 120 | Corr score : XXX

[illegible][illegible]

XXXX
XXXX
XXXX XXXX XXXX XXXX XXXX XXXX XXXX XXXX XXXX