.foldrec:

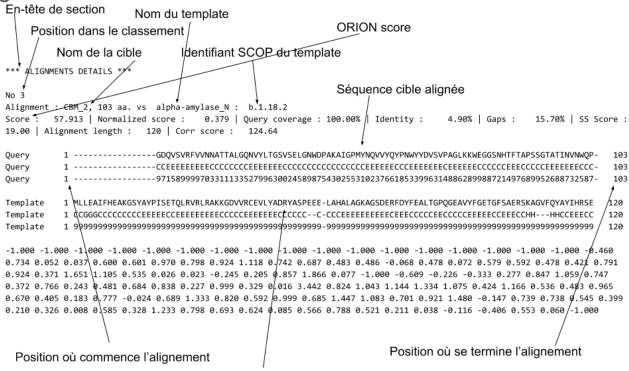
#### Scores d'alignements:

```
En-tête de la partie (encadré par ***)
                       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
                                                                         1-103
                                                                                  1-103
                                                                                          CBM_20 : b.3.1.1
                                                                         1-103
                                                                                  1-686
                                                                                          Cyclodex_gly_tran : b.3.1.1
   2 119.515 -88.751 2.66E-02 11.105 0.922 0.015 5.32E-02
                                                                  686
                                                                                Nom du template
         Scorè brut d'ORION
                                                                                   Identifiant SCOP du template
Position dans le classement
```

.foldrec:

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

#### .foldrec: Alignements



Séguence support alignée

.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
                       1 ------GDQVSVRFVVNNATTALGQNVYLTGSVSELGNWDPAKAIGPMYNQVVYQYPNWYYDVSVPAGLKKWEGGSNHTFTAPSSGTATINVNWQP-
Query
                                                                                                                                                                                                                                                          103
Query
                                  103
                       103
Query
Template
                       1 MLLEAIFHEAKGSYAYPISETQLRVRLRAKKGDVVRCEVLYADRYASPEEE-LAHALAGKAGSDERFDYFEALTGPQGEAVYFGETGFSAERSKAGVFQYAYIHRSE
                                                                                                                                                                                                                                                        120
Template
                                                                                                                                                                                                                                                        120
                       Template
                       120
XXX XXX
```