

PSM	X_{corr}	Posición/N
1	6.71	0.001
2	6.01	0.002
3	5.64	0.003
4	5.31	0.004
5	3.2	0.005
6	3.18	0.006
...
N = 1000	1.35	1

Comparar cada espectro teórico construido frente a una gran colección de péptidos candidatos

Ordenar las asignaciones por el valor de la puntuación obtenida

Determinar el rango normalizado de cada asignación (Posición/N)

El *p*-valor se puede estimar interpolando el valor de puntuación sobre el rango normalizado (Posición/N)

***p*-valor:** Probabilidad de que un espectro obtenga una puntuación al menos tan extrema al asignarle un secuencia de un peptido al azar

