

PDBeFold v2.59. (src3) 14 Apr 2014 result file.

RESULTS OF MULTIPLE ALIGNMENT

SUMMARY

##	Structure	Nres	Nsse	Consensus scores	
				RMSD	Q-score
1	5ipx.pdb:A	282	13	1.4246	0.1013
2	model1_p15_CiLV-C_Ar02_ALF453>...	130	7	1.6586	0.2062
3	model1_p15_CiLV_C_SJP.pdb:A	130	4	1.6014	0.2095

Number of aligned residues 35
Number of aligned SSEs 2
Overall RMSD 2.7101
Overall Q-score 0.0184

SECONDARY STRUCTURE ALIGNMENT

```
5ipx.pdb:A ..... -hshhHHhhhhhhh
model1_p15_CiLV-C_A>... hhhhhhHH-----
model1_p15_CiLV_C_S>... -----HHhh-----
```

SECONDARY STRUCTURES DETAILS

```
5ipx.pdb:A ..... |h|a:phe 12 /arg 17 | ==>
model1_p15_CiL>... |h|a:ile 7 /cys 18 | ==> |h|a:glu 24 /thr 29 | ==>
model1_p15_CiL>...
```

```
5ipx.pdb:A ..... |s|a:tyr 18 /tyr 20 | ==> |h|a:ser 22 /asp 31 | ==>
model1_p15_CiL>... |h|a:asp 32 /his 56 | ==> |h|a:leu 57 /pro 61 | ==>
model1_p15_CiL>...
```

```
5ipx.pdb:A ..... |h|a:cys 42 /leu 90 | ==> |H|A:ASN 92 /GLY 109 | ==>
model1_p15_CiL>... |h|a:asp 62 /asp 86 | ==> |H|A:THR 96 /PHE 113 | ==>
model1_p15_CiL>... |H|A:ASN 3 /PHE 21 | ==>
```

```
5ipx.pdb:A ..... |H|A:GLY 112 /TYR 129 | ==> |h|a:cys 144 /ser 150 | ==>
model1_p15_CiL>... |H|A:GLY 114 /THR 130 | ==>
model1_p15_CiL>... |H|A:ASP 32 /VAL 58 | ==> |h|a:pro 61 /lys 87 | ==>
```

```
5ipx.pdb:A ..... |h|a:ser 156 /thr 168 | ==> |h|a:ser 177 /leu 190 | ==>
model1_p15_CiL>...
model1_p15_CiL>... |h|a:thr 95 /thr 130 | ==>
```

```
5ipx.pdb:A ..... |h|a:asp 201 /glu 227 | ==> |h|a:glu 228 /arg 256 | ==>
model1_p15_CiL>...
model1_p15_CiL>...
```

5ipx.pdb:A |h|a:ser 261 /ala 274 | ==> |h|a:ser 280 /phe 299 |
model1_p15_CiL>...
model1_p15_CiL>...

CROSS-STRUCTURE STATISTICS

<< RMSD >>

Structure	1	2	3
-----+-----+-----+-----			
1. 5ipx.pdb:A		2.645	2.537
2. model1_p15_CiL>...	2.645		2.933
3. model1_p15_CiL>...	2.537	2.933	

<< Q-score >>

Structure	1	2	3
-----+-----+-----+-----			
1. 5ipx.pdb:A		0.019	0.019
2. model1_p15_CiL>...	0.019		0.037
3. model1_p15_CiL>...	0.019	0.037	

<< Sequence Identity >>

Structure	1	2	3
-----+-----+-----+-----			
1. 5ipx.pdb:A		0.114	0.057
2. model1_p15_CiL>...	0.114		0.029
3. model1_p15_CiL>...	0.057	0.029	

ROTATION-TRANSLATION MATRICES OF BEST SUPERPOSITION

5ipx.pdb:A		0.99991	0.01365	0.00088		x		0.13924	
		-0.01363	0.99973	-0.01883		y		0.66213	
		-0.00114	0.01882	0.99982		z		0.14658	
model1_p15_CiL>...		-0.74950	-0.55689	0.35795		x		27.88531	
		-0.63039	0.76547	-0.12907		y		-15.79530	
		-0.20212	-0.32238	-0.92478		z		115.05282	
model1_p15_CiL>...		0.93275	-0.36039	-0.00997		x		-53.43226	
		0.01064	0.05518	-0.99842		y		41.04643	
		0.36037	0.93117	0.05530		z		-42.20316	

3D ALIGNMENT OF BACKBONE ATOMS

##	5ipx.pdb		model1_p15_C	model1_p15_C
1			a:met 1	
2			a:leu 2	
3			a:asn 3	
4			a:trp 4	
5			a:ser 5	
6			a:thr 6	
7		h	a:ile 7	
8		h	a:glu 8	
9		h	a:trp 9	
10		h	a:asp 10	
11		h	a:ser 11	
12		h	a:phe 12	
13		h	a:trp 13	
14	a:his 10	h	a:gln 14	
15	a:leu 11	h	a:gln 15	
16	h a:phe 12	h	a:his 16	
17	h a:asn 13	h	a:asp 17	
18	h a:his 14	h	a:cys 18	
19	h a:leu 15		a:gly 19	
20	h a:phe 16		a:cys 20	
21	h a:arg 17		a:phe 21	
22	s a:tyr 18		a:thr 22	
23	s a:his 19		a:phe 23	
24	s a:tyr 20	h	a:glu 24	
25	a:pro 21	h	a:cys 25	
26	h a:ser 22	h	a:asp 26	
27	h a:trp 23	h	a:phe 27	
28	h a:asp 24	h	a:ile 28	
29	h a:gln 25	h	a:thr 29	
30	h a:ile 26		a:ser 30	
31	h a:leu 27		a:ile 31	
32	h a:gln 28	h	a:asp 32	
33	h a:glu 29	h	a:pro 33	
34	h a:leu 30	h	a:leu 34	
35	h a:asp 31	h	a:val 35	
36	a:thr 32	h	a:his 36	
37	a:leu 33	h	a:asp 37	
38	a:ser 34	h	a:tyr 38	
39	a:val 35	h	a:ala 39	
40	a:ala 36	h	a:ile 40	
41	a:thr 37	h	a:tyr 41	
42	a:leu 38	h	a:his 42	
43	a:asn 39	h	a:ser 43	
44	a:pro 40	h	a:leu 44	
45	a:asp 41	h	a:ser 45	
46	h a:cys 42	h	a:gln 46	
47	h a:his 43	h	a:lys 47	

48	h a:val	44	h a:thr	48		
49	h a:pro	45	h a:val	49		
50	h a:ala	46	h a:leu	50		
51	h a:leu	47	h a:glu	51		
52	h a:asn	48	h a:met	52		
53	h a:val	49	h a:leu	53		
54	h a:glu	50	h a:gln	54		
55	h a:lys	51	h a:thr	55		
56	h a:thr	52	h a:his	56		
57	h a:leu	53	h a:leu	57		
58	h a:tyr	54	h a:val	58		
59	h a:leu	55	h a:ala	59		
60	h a:ala	56	h a:gly	60		
61	h a:lys	57	h a:pro	61		
62	h a:thr	58	h a:asp	62		
63	h a:ile	59	h a:ala	63		
64	h a:gln	60	h a:ser	64		
65	h a:ile	61	h a:glu	65		
66	h a:leu	62	h a:thr	66		
67	h a:val	63	h a:ile	67		
68	h a:gln	64	h a:arg	68		
69	h a:his	65	h a:arg	69		
70	h a:arg	66	h a:gln	70		
71	h a:gln	67	h a:val	71		
72	h a:ser	68	h a:ala	72		
73	h a:glu	69	h a:phe	73		
74	h a:pro	70	h a:leu	74		
75	h a:tyr	71	h a:ile	75		
76	h a:leu	72	h a:tyr	76		
77	h a:val	73	h a:asp	77		
78	h a:pro	74	h a:phe	78		
79	h a:ala	75	h a:his	79		
80	h a:ala	76	h a:arg	80		
81	h a:arg	77	h a:leu	81		
82	h a:ala	78	h a:ser	82		
83	h a:asn	79	h a:cys	83		
84	h a:leu	80	h a:asn	84		
85	h a:ala	81	h a:cys	85		
86	h a:tyr	82	h a:asp	86		
87	h a:ser	83	a:lys	87		
88	h a:leu	84	a:cys	88		
89	h a:gln	85	a:cys	89		
90	h a:gln	86	a:gly	90		
91	h a:leu	87	a:his	91	a:met	1
92	h a:tyr	88	a:cys	92	a:leu	2
93	h a:lys	89	a:asn	93	h a:asn	3
94	h a:leu	90	a:ala	94	h a:trp	4
95	a:gly	91	a:thr	95	h a:ser	5
96	H A:ASN	92	* H A:THR	96	* H A:THR	6
97	H A:ASP	93	* H A:THR	97	* H A:ILE	7

98	H	A:LYS	94	*	H	A:GLY	98	*	H	A:GLU	8
99	H	A:ILE	95	*	H	A:ARG	99	*	H	A:TRP	9
100	H	A:ARG	96	*	H	A:PHE	100	*	H	A:ASP	10
101	H	A:GLY	97	*	H	A:LYS	101	*	H	A:SER	11
102	H	A:VAL	98	*	H	A:VAL	102	*	H	A:PHE	12
103	H	A:ILE	99	*	H	A:VAL	103	*	H	A:TRP	13
104	H	A:ASN	100	*	H	A:ASP	104	*	H	A:GLN	14
105	H	A:GLY	101	*	H	A:ARG	105	*	H	A:GLN	15
106	H	A:MET	102	*	H	A:VAL	106	*	H	A:HIS	16
107	H	A:LEU	103	*	H	A:LEU	107	*	H	A:ASP	17
108	H	A:PRO	104	*	H	A:ASN	108	*	H	A:CYS	18
109	H	A:LEU	105	*	H	A:ASP	109	*	H	A:GLY	19
110	H	A:VAL	106	*	H	A:HIS	110	*	H	A:CYS	20
111	H	A:ASP	107	*	H	A:ILE	111	*	H	A:PHE	21
112										a:thr	22
113										a:phe	23
114										a:glu	24
115	H	A:ALA	108	*	H	A:GLU	112	*		A:CYS	25
116	H	A:GLY	109	*	H	A:PHE	113	*		A:ASP	26
117		a:cys	110							a:phe	27
118		a:ile	111							a:ile	28
119										a:thr	29
120										a:ser	30
121										a:ile	31
122									h	a:asp	32
123									h	a:pro	33
124									h	a:leu	34
125									h	a:val	35
126									h	a:his	36
127	h	a:gly	112						h	a:asp	37
128	H	A:PHE	113	*	H	A:GLY	114	*	H	A:TYR	38
129	H	A:GLU	114	*	H	A:ILE	115	*	H	A:ALA	39
130	H	A:ARG	115	*	H	A:MET	116	*	H	A:ILE	40
131	H	A:GLU	116	*	H	A:ARG	117	*	H	A:TYR	41
132	H	A:LEU	117	*	H	A:ARG	118	*	H	A:HIS	42
133	H	A:ILE	118	*	H	A:GLN	119	*	H	A:SER	43
134	H	A:LYS	119	*	H	A:ASP	120	*	H	A:LEU	44
135	H	A:GLY	120	*	H	A:LEU	121	*	H	A:SER	45
136	H	A:LEU	121	*	H	A:ILE	122	*	H	A:GLN	46
137	H	A:PRO	122	*	H	A:PRO	123	*	H	A:LYS	47
138	H	A:ARG	123	*	H	A:ILE	124	*	H	A:THR	48
139	H	A:VAL	124	*	H	A:LEU	125	*	H	A:VAL	49
140	H	A:LEU	125	*	H	A:HIS	126	*	H	A:LEU	50
141	H	A:THR	126	*	H	A:ASN	127	*	H	A:GLU	51
142	H	A:LEU	127	*	H	A:LEU	128	*	H	A:MET	52
143	H	A:GLN	128	*	H	A:GLU	129	*	H	A:LEU	53
144	H	A:TYR	129	*	H	A:THR	130	*	H	A:GLN	54
145		a:pro	130						h	a:thr	55
146		a:his	131						h	a:his	56
147		a:thr	132						h	a:leu	57

148			a:ala	133					h	a:val	58	
149			a:pro	134						a:ala	59	
150		h	a:cys	144						a:gly	60	
151		h	a:thr	145					h	a:pro	61	
152		h	a:glu	146					h	a:asp	62	
153		h	a:trp	147					h	a:ala	63	
154		h	a:cys	148					h	a:ser	64	
155		h	a:leu	149					h	a:glu	65	
156		h	a:ser	150					h	a:thr	66	
157			a:his	151					h	a:ile	67	
158			a:phe	152					h	a:arg	68	
159			a:val	153					h	a:arg	69	
160			a:gly	154					h	a:gln	70	
161			a:ala	155					h	a:val	71	
162		h	a:ser	156					h	a:ala	72	
163		h	a:gly	157					h	a:phe	73	
164		h	a:arg	158					h	a:leu	74	
165		h	a:leu	159					h	a:ile	75	
166		h	a:arg	160					h	a:tyr	76	
167		h	a:ser	161					h	a:asp	77	
168		h	a:glu	162					h	a:phe	78	
169		h	a:val	163					h	a:his	79	
170		h	a:arg	164					h	a:arg	80	
171		h	a:asp	165					h	a:leu	81	
172		h	a:ile	166					h	a:ser	82	
173		h	a:leu	167					h	a:cys	83	
174		h	a:thr	168					h	a:asn	84	
175			a:thr	169					h	a:cys	85	
176			a:his	170					h	a:asp	86	
177			a:asn	171					h	a:lys	87	
178			a:gly	172						a:cys	88	
179			a:thr	173						a:tyr	89	
180			a:cys	174						a:gly	90	
181			a:ala	175						a:asp	91	
182			a:pro	176						a:cys	92	
183		h	a:ser	177						a:asn	93	
184		h	a:phe	178						a:ala	94	
185		h	a:glu	179					h	a:thr	95	
186		h	a:trp	180					h	a:thr	96	
187		h	a:met	181					h	a:thr	97	
188		h	a:ala	182					h	a:gly	98	
189		h	a:ser	183					h	a:arg	99	
190		h	a:val	184					h	a:phe	100	
191		h	a:val	185					h	a:lys	101	
192		h	a:lys	186					h	a:val	102	
193		h	a:lys	187					h	a:val	103	
194		h	a:phe	188					h	a:asp	104	
195		h	a:phe	189					h	a:arg	105	
196		h	a:leu	190					h	a:val	106	
197			a:val	191					h	a:leu	107	

198			a:glu 192				h a:asn 108	
199			a:thr 193				h a:asp 109	
200			a:val 194				h a:his 110	
201			a:ile 195				h a:ile 111	
202			a:tyr 196				h a:glu 112	
203			a:glu 197				h a:phe 113	
204			a:asp 198				h a:gly 114	
205			a:phe 199				h a:ile 115	
206			a:gln 200				h a:met 116	
207		h	a:asp 201				h a:arg 117	
208		h	a:thr 202				h a:arg 118	
209		h	a:asp 203				h a:gln 119	
210		h	a:phe 204				h a:asp 120	
211		h	a:asn 205				h a:leu 121	
212		h	a:val 206				h a:ile 122	
213		h	a:gln 207				h a:pro 123	
214		h	a:leu 208				h a:ile 124	
215		h	a:asn 209				h a:leu 125	
216		h	a:leu 210				h a:his 126	
217		h	a:cys 211				h a:asn 127	
218		h	a:phe 212				h a:leu 128	
219		h	a:phe 213				h a:glu 129	
220		h	a:trp 214				h a:thr 130	
221		h	a:thr 215					
222		h	a:ala 216					
223		h	a:val 217					
224		h	a:val 218					
225		h	a:gln 219					
226		h	a:met 220					
227		h	a:tyr 221					
228		h	a:gln 222					
229		h	a:arg 223					
230		h	a:cys 224					
231		h	a:ile 225					
232		h	a:tyr 226					
233		h	a:glu 227					
234		h	a:gln 228					
235		h	a:lys 229					
236		h	a:leu 230					
237		h	a:val 231					
238		h	a:his 232					
239		h	a:ile 233					
240		h	a:ile 234					
241		h	a:ser 235					
242		h	a:thr 236					
243		h	a:ser 237					
244		h	a:leu 238					
245		h	a:thr 239					
246		h	a:leu 240					
247		h	a:leu 241					

248	h	a:lys	242				
249	h	a:ser	243				
250	h	a:thr	244				
251	h	a:ala	245				
252	h	a:arg	246				
253	h	a:ser	247				
254	h	a:phe	248				
255	h	a:phe	249				
256	h	a:ala	250				
257	h	a:trp	251				
258	h	a:tyr	252				
259	h	a:asp	253				
260	h	a:leu	254				
261	h	a:tyr	255				
262	h	a:arg	256				
263		a:pro	257				
264		a:asn	258				
265		a:leu	259				
266		a:gly	260				
267	h	a:ser	261				
268	h	a:ala	262				
269	h	a:ala	263				
270	h	a:leu	264				
271	h	a:val	265				
272	h	a:lys	266				
273	h	a:tyr	267				
274	h	a:thr	268				
275	h	a:glu	269				
276	h	a:his	270				
277	h	a:leu	271				
278	h	a:ile	272				
279	h	a:arg	273				
280	h	a:ala	274				
281		a:leu	275				
282		a:thr	276				
283		a:pro	277				
284		a:asp	278				
285		a:cys	279				
286	h	a:ser	280				
287	h	a:asp	281				
288	h	a:val	282				
289	h	a:glu	283				
290	h	a:leu	284				
291	h	a:gly	285				
292	h	a:glu	286				
293	h	a:leu	287				
294	h	a:cys	288				
295	h	a:ser	289				
296	h	a:his	290				
297	h	a:leu	291				

298	h a:his	292				
299	h a:his	293				
300	h a:cys	294				
301	h a:lys	295				
302	h a:his	296				
303	h a:ala	297				
304	h a:leu	298				
305	h a:phe	299				
306	a:ser	300				
-----+-----+-----+-----+-----						