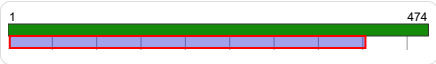


Model Results Order by: GMQE



Model 01

Structure Assessment

Compare

Download files Display files

Oligo-State Monomer GMQE 0.65 QMEANDisCo Global: 0.73 ± 0.05

QMEANDisCo Local QMEAN Z-Scores

Template 2pe4.1.A Hyaluronidase-1 Seq Identity 43.32% Coverage

Model-Template Alignment

Model_01	L N F R A P P V D P N P F L W A W A P S E F C L G K P D D E P L D M
2pe4.1.A	- - F R G P - L L P N P P F T T V W W A N T Q W C L E R H G V D V D V
Model_01	S L F S E T G S P R I N V T G Q D V I T P Y V D B L G Y Y P Y D S I
2pe4.1.A	S V F D V Y A N P G T F R G P D M I L P Y S S L G T Y P Y V - T P
Model_01	T G V I V N G G I P Q W T S L Q D H L D K A K K D I T E Y M P V - D N
2pe4.1.A	T G E D V F G G L P Q N A S L I A H L A R T E Q D I L A A I P A P D F
Model_01	L G M A V T D W E E W R P T W A R N W K P K D V Y K N R S I E L V Q Q
2pe4.1.A	S G L A V T D W E A W R P W A P N W D T K D I Y R Q R S R A L V Q A
Model_01	R N V Q L S L T E A T E K A K Q E F E K A G K D F L V E T I K L Q K L
2pe4.1.A	Q H P D W P A P Q V E A V A Q D Q F G G A A R A W M A G T L Q L E R A
Model_01	L R P N H L W G Y L L P D C Y N H H Y K K P G Y N G S C F A V Y I K
2pe4.1.A	L R P R G L W G F Y G F P D C Y N Y D F L S P N Y T G Q C P S G T R A
Model_01	R N D L S W L N E S T A L Y P S I Y L N I Q Q S P V A A T L Y V
2pe4.1.A	Q N D L G W E W G S R A L Y P S I Y M P A V L E G T G K S Q M Y V
Model_01	R N R V Q E A I R V S K L R D A K S P L P F V A R I V E T Q V L
2pe4.1.A	Q H R V A E A F R V A - V A G D P N L P Y L P Y Q I - F Y D T T N
Model_01	K F L S D E L V Y T F G E T V A L G S G I V I N G T A S I M R S K
2pe4.1.A	H F L P L D E L E H S L G E S A A G A G V V L W V S W E N T R T K
Model_01	K S C L L D N Y M E T I L N P Y I I N V T L A A K M C S Q V L C Q E
2pe4.1.A	E S C Q A I K E Y M D T T L G P F I L N V T S G A L L C S Q A L C S G
Model_01	Q G V C I K N W N S S D Y L H L N P D N F A T Q L E K G K K T V
2pe4.1.A	A H G R C V R R T S H P K A L L L N P A S F S I Q L T P G G G P L S L
Model_01	R G K P T C E D L E Q F S E K F Y C S C Y S T L S C K E A D V K D T
2pe4.1.A	R G A L S L E D Q A Q M A V E F K R C R Y - - - - -
Model_01	D A V D V C I A D G V C I D A F L K P P M E T E E S Q I F Y N A S P S
2pe4.1.A	- - - - -
Model_01	T L S A T M F I V S I L F L I I S S V A S L
2pe4.1.A	- - - - -

