



SignalP 4.1 Server - prediction results

Technical University of Denmark

SignalP-4.1 euk predictions

>Sequence

Name=Sequence Length=71

#			SignalP-noTM		SignalP-TM		
#	pos	aa	CS	SP	CS	SP	TM
1		H	0.100	0.113	0.101	0.099	0.102
2		T	0.102	0.117	0.101	0.108	0.105
3		P	0.100	0.096	0.101	0.102	0.105
4		T	0.104	0.095	0.103	0.083	0.109
5		P	0.102	0.092	0.102	0.085	0.111
6		T	0.102	0.090	0.102	0.083	0.111
7		P	0.101	0.098	0.101	0.084	0.107
8		I	0.103	0.096	0.103	0.088	0.109
9		C	0.097	0.102	0.099	0.097	0.101
10		K	0.102	0.101	0.102	0.109	0.102
11		S	0.099	0.118	0.100	0.140	0.097
12		R	0.099	0.130	0.102	0.095	0.111
13		S	0.105	0.114	0.105	0.102	0.106
14		H	0.098	0.111	0.100	0.119	0.107
15		E	0.099	0.099	0.101	0.118	0.104
16		Y	0.099	0.101	0.100	0.123	0.096
17		K	0.099	0.096	0.100	0.110	0.100
18		G	0.103	0.099	0.102	0.104	0.101
19		R	0.097	0.099	0.100	0.100	0.097
20		C	0.105	0.098	0.104	0.100	0.099
21		I	0.104	0.101	0.106	0.108	0.105
22		Q	0.097	0.099	0.099	0.116	0.096
23		D	0.099	0.101	0.101	0.110	0.098
24		M	0.100	0.096	0.101	0.104	0.094
25		D	0.102	0.096	0.103	0.107	0.100
26		C	0.101	0.100	0.102	0.111	0.094
27		N	0.101	0.096	0.102	0.110	0.100
28		A	0.103	0.099	0.104	0.110	0.096
29		A	0.099	0.095	0.102	0.100	0.092
30		C	0.100	0.094	0.101	0.103	0.095
31		V	0.096	0.098	0.099	0.100	0.096
32		K	0.095	0.097	0.099	0.104	0.091
33		E	0.099	0.100	0.101	0.106	0.093
34		S	0.100	0.098	0.101	0.105	0.096
35		E	0.101	0.100	0.102	0.106	0.099
36		S	0.103	0.097	0.104	0.102	0.095
37		Y	0.107	0.096	0.108	0.104	0.095
38		T	0.098	0.098	0.101	0.104	0.093
39		G	0.102	0.097	0.102	0.102	0.099
40		G	0.101	0.099	0.102	0.101	0.101
41		F	0.101	0.100	0.101	0.102	0.102
42		C	0.103	0.103	0.103	0.105	0.099
43		N	0.098	0.101	0.100	0.101	0.096
44		G	0.101	0.100	0.101	0.107	0.096

45	R	0.099	0.102	0.098	0.103	0.097
46	P	0.110	0.104	0.107	0.101	0.102
47	P	0.104	0.099	0.104	0.102	0.100
48	F	0.105	0.100	0.104	0.102	0.106
49	K	0.103	0.098	0.104	0.104	0.103
50	Q	0.100	0.100	0.101	0.105	0.102
51	C	0.103	0.100	0.104	0.103	0.103
52	F	0.101	0.099	0.102	0.107	0.103
53	C	0.103	0.098	0.103	0.104	0.100
54	T	0.102	0.093	0.102	0.103	0.102
55	K	0.101	0.088	0.102	0.102	0.101
56	P	0.100	0.094	0.103	0.101	0.097
57	C	0.106	0.099	0.105	0.103	0.097
58	K	0.101	0.097	0.102	0.098	0.099
59	R	0.099	0.098	0.101	0.101	0.098
60	E	0.098	0.098	0.101	0.101	0.098
61	R	0.101	0.105	0.103	0.102	0.099
62	A	0.106	0.102	0.105	0.102	0.098
63	A	0.103	0.100	0.102	0.104	0.098
64	A	0.092	0.102	0.097	0.106	0.101
65	T	0.098	0.107	0.100	0.106	0.101
66	L	0.100	0.105	0.102	0.105	0.100
67	R	0.104	0.099	0.105	0.101	0.102
68	W	0.103	0.098	0.102	0.103	0.100
69	P	0.104	0.099	0.104	0.103	0.098
70	G	0.104	0.098	0.103	0.101	0.098
71	L	0.105	0.097	0.103	0.102	0.097

# Measure	Position	Value	Cutoff	signal	peptide?
-----------	----------	-------	--------	--------	----------

max. C	46	0.110			
--------	----	-------	--	--	--

max. Y	13	0.107			
--------	----	-------	--	--	--

max. S	12	0.130			
--------	----	-------	--	--	--

mean S	1-12	0.104			
--------	------	-------	--	--	--

D	1-12	0.105	0.450	NO	
---	------	-------	-------	----	--

Name=Sequence SP='NO' D=0.105 D-cutoff=0.450 Networks=SignalP-noTM

Please cite:

SignalP 4.0: discriminating signal peptides from transmembrane regions

Petersen TN., Brunak S., von Heijne G. & Nielsen H.

Nature Methods, 8:785-786, 2011

[Explain](#) the output. Go [back](#).
