



Organisme	Numéro d'identification de la protéine	Poche P1 (33,35,65,67,119,185,186,200)	Poche P2 (152,155,156,159,204,206,207)	Activité lors d'une surexpression chez E. coli
CDPS 47	Streptomyces sp. AA4	WP_009073312.1	VGIPMFFN	cWW (100%)
CDPS 42	Streptomyces albulus	WP_016576960.1	LGIPLLCH	cWW (100%)
	Actinosynnema mirum	WP_015803347.1	VGVPMPFN	cWW (100%)
CDPS 14	Streptomyces cattleya	WP_014141671.1	VGVPMPFC	cWW (100%)
CDPS 48	Streptomyces cattleya	WP_014140974.1	VGVPMPFC	cWW (100%)
	Actinokineospora sp. EG49	EWCG1117.1	VGVPMPFN	MEVIRLP
	Nocardiopsis baichengensis	WP_017555804.1	VGVPMPFN	MEVARLP
CDPS 58	Nocardiopsis halophila	WP_017537615.1	VGVPMPFN	MEVARLP
CDPS 57	Streptomyces sp. CNH287	WP_027751606.1	VGVPMPFC	MDVAQLP
	Streptomyces sp. C34(2013)	WP_029387183.1	VGVPMPFC	MEAARIP
CDPS 56	Streptomyces albus	WP_031176477.1	VGIPMPFC	ATVARLP
	Streptomyces sp. NRR1 F-5917	WP_030408991.1	VGIPMPFC	ATVARLP
	Streptomyces cattleya	WP_014627258.1	VGVPMPFC	MEAARIP
	Streptomyces sp. HPH0547	WP_016473256.1*	VGIPMPFC	ATVARLP

from Giessen et al. (2013) E

Les CDPS biochimiquement caractérisées sont en bleu.

Les motifs de séquence (logo) déterminés pour les deux poches P1 et P2 accommodant les entités acides aminés à partir des CDPS biochimiquement caractérisées sont indiqués.

* séquence complétée en N-terminal

Les séquences de CDPS sélectionnées pour évaluer le caractère prédictif des motifs de séquences sont en orange

