

EMBOSS_001	48	----DLSHGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDDLHAHKLR	93
		... :.. :..: : : :..... : :	
EMBOSS_001	49	LSTPDAVMGNPKVKAHGKKVLGAFSDGLAHLNLDLKGTFATLSELHCDKLH	98
EMBOSS_001	94	VDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKYR	142
		. : : :.. :.. : : :.. : :	
EMBOSS_001	99	VDPENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTPPVQAAYQKVVAGVANALAHKYH	147

Lokales Alignment mit voreingestellten Parametern:

EMBOSS_001	3	LSPADKTNVKAAGWKVGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHF-DLS-	50
		: .: :.. . . :.. . . .: :..: : : :..	
EMBOSS_001	4	LTPEEKSAVTALWGKV--NVDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGDLST	51
EMBOSS_001	51	----HGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDDLHAHKLRVDP	96
		. :..: :..: : : :..... : :	
EMBOSS_001	52	PDAVMGNPKVKAHGKKVLGAFSDGLAHLNLDLKGTFATLSELHCDKLHVDP	101
EMBOSS_001	97	VNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKY	141
		. : : :.. :.. : : :.. : :	
EMBOSS_001	102	ENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTPPVQAAYQKVVAGVANALAHKY	146

Standardsubstitutionsmatrix ist BLOSUM62, die durch Vergleiche von Sequenzen, die untereinander höchstens zu 62 % gleichen, entstanden ist. PAM-Matrizen wie PAM180 hingegen arbeiten mit Abschätzungen, wie wahrscheinlich die Mutation von einer Aminosäure in eine andere ist (so mutieren z. B. saure Aminosäuren meist zu anderen sauren Aminosäuren). Durch Erhöhung der Gap Penalty kann das Einfügen von Gaps, die nicht wirklich verwendet werden müssen, unterbunden werden (auch wenn durch Verdoppelung der Gap Penalty lediglich einer der Gaps des dritten Alignments hier unterbunden werden konnte).