Global Alignment

```
# Program: needle
# Rundate: Tue 13 Feb 2018 08:02:20
# Commandline: needle
    -auto
    -st.dout
   -asequence emboss needle-I20180213-080217-0644-4704080-plm.asequence
#
   -bsequence emboss needle-I20180213-080217-0644-4704080-plm.bsequence
   -datafile EBLOSUM62
-gapopen 10.0
-gapextend 0.5
#
   -endopen 10.0
   -endextend 0.5
   -aformat3 pair
   -sprotein1
   -sprotein2
# Align format: pair
# Report file: stdout
# Aligned sequences: 2
# 1: EMBOSS 001
# 2: EMBOSS 001
# Matrix: EBLOSUM62
# Gap penalty: 10.0
# Extend_penalty: 0.5
# Length: 114
# Identity: 29/114 (25.4%)
# Similarity: 52/114 (45.6%)
# Gaps: 7/114 (6.1%)
# Score: 104.5
EMBOSS_001
            1 YAFDLGYTCMFPVLLGGGELHIVQKETYTAPDEIAHYIKEHGITYIKLTP
                                                                50
                 EMBOSS_001
              1 -AFDVSAGDFARALLTGGQLIVCPNEVKMDPASLYAIIKKYDITIFEATP
                                                                49
EMBOSS_001 51 SLFHTIVNTASFAFDANFE--SLRLIVLGGEKIIPIDVIAFRKMYGHT-E
                                                                97
                50 AL---VIPLMEYIYEQKLDISQLQILIVGSDSCSMEDFKTLVSRFGSTIR
EMBOSS 001
EMBOSS 001
              98 FINHYGPTEATIGA 111
              .:|.||.||.|.:
97 IVNSYGVTEACIDS 110
EMBOSS 001
#-----
```

- ใช้ Needleman-Wunsch algorithm
- ใช้ ตาราง BLOSUM62
- ความยาวของโปรตีน 114 ตัว มีตัวที่เหมือนกันเลยทั้งหมด 29 ตำแหน่ง มีตัวที่มีความคล้าย (เปลี่ยนสภาพตาม BLOSUM62?) 52 ตำแหน่ง มีช่องว่าง (ที่ไม่เหมือน) 7 ตำแหน่ง
- ได้คะแนน 104.5
- ส่วนสีชมพูคือ ช่วงที่ได้คะแนนสูงสุด (หมายถึงทั้งเส้นใน Global Alignment)

Local Alignment

```
# Program: water
# Rundate: Tue 13 Feb 2018 08:01:38
# Commandline: water
   -auto
   -stdout
   -asequence emboss water-I20180213-080136-0614-13379780-p2m.asequence
  -bsequence emboss water-I20180213-080136-0614-13379780-p2m.bsequence
   -datafile EBLOSUM62
   -gapopen 10.0
   -gapextend 0.5
   -aformat3 pair
  -sprotein1
  -sprotein2
# Align format: pair
# Report file: stdout
# Aligned_sequences: 2
# 1: EMBOSS_001
# 2: EMBOSS_001
# Matrix: EBLOSUM62
# Gap penalty: 10.0
# Extend_penalty: 0.5
# Length: 111
# Identity:
           29/111 (26.1%)
# Similarity: 51/111 (45.9%)
# Gaps:
            6/111 ( 5.4%)
# Score: 104.5
#----
             2 AFDLGYTCMFPVLLGGGELHIVQKETYTAPDEIAHYIKEHGITYIKLTPS
EMBOSS 001
                                                         51
               1 AFDVSAGDFARALLTGGQLIVCPNEVKMDPASLYAIIKKYDITIFEATPA
EMBOSS 001
                                                         50
EMBOSS 001
            52 LFHTIVNTASFAFDANFE--SLRLIVLGGEKIIPIDVIAFRKMYGHT-EF
                                                         98
               EMBOSS 001
            51 L---VIPLMEYIYEQKLDISQLQILIVGSDSCSMEDFKTLVSRFGSTIRI
                                                         97
EMBOSS 001
            99 INHYGPTEATI
                         109
              :|.||.||.|
EMBOSS 001
            98 VNSYGVTEACI
                         108
#-----
```

- ใช้ Smith-Waterman algorithm
- ใช้ ตาราง BLOSUM62
- ต่างจาก Global Alignment โดยส่วนที่คล้ายกันมีเพียง 111 ตัว
- มีตัวที่เหมือนกันเลยทั้งหมด 29 ตำแหน่ง มีตัวที่มีความคล้าย (เปลี่ยนสภาพตาม BLOSUM62?) 51 ตำแหน่ง มี ช[่]องว่าง (ที่ไม่เหมือน) 6 ตำแหน่ง
- ได้คะแนน 104.5
- ส่วนสีชมพูคือ ช[่]วงที่ได้คะแนนสูงสุด

multiple sequence alignment

CLUSTAL multiple sequence alignment by MUSCLE (3.8)

- * คือ ตรงกัน
- . คือ คล้าย (เกิดการแทนที่ได้) ตาม BLOSUM62
- : คือ คล้าย (เกิดการแทนที่ได้) ตาม BLOSUM62
- ช่องว่าง คือ ไม่ตรงหรือคล้ายกันเลย