

Hemoglobin subunit alpha/beta

```
>sp|P69905|HBA_HUMAN Hemoglobin subunit alpha OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=HBA1 PE=1 SV=2
MVLSPADKTNVKAAWGKVGAGHAGEYGAEALERMFSLFPTTKTYFPHFDLSHGSAQVKGHG
KKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLRVDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTP
AVHASLDKFLASVSTVLTSKYR
```

```
>sp|P68871|HBB_HUMAN Hemoglobin subunit beta OS=Homo sapiens
OX=9606 GN=HBB PE=1 SV=2
MVHLTPEEKSAVTALWGKVNVDDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGDLSTPDVAMGNPK
VKAHGKKVLGAFSDGLAHLNKLKGTFAITLSELHCDKLHVDPENFRLLGNVLVCVLAHHFG
KEFTTPVQAAAYQKVAGVANALAHKYH
```

Lokales vs. Globales Alignment

Ein lokales Alignment vergleicht die Abfrage mit einem Subset der Sequenz, wohingegen bei einem globalen Alignment über die gesamte Länge verglichen wird. Dies führt dazu, dass es in einem globalen Alignment häufiger zu Gaps kommt, wenn Suchsequenz und Vergleichssequenz in der Länge variieren. Folglich ist es häufig sinnvoller ein globales Alignment zum Vergleich homologer Gene und ein lokales Alignment zum Vergleich homologer Domänen heranzuziehen.

(1) Globales Alignment mit voreingestellten Parametern
Needle EMBOSS - Blos62 - Gap Penalty: 10

```
EMBOSS_001      1 MV-LSPADKTNVKAAWGKVGAGHAGEYGAEALERMFSLFPTTKTYFPHF-D      48
                  || |:|.:.|.:.|.||| | :..|.|.|||. |:..:.|. |:..|.:.| |
EMBOSS_001      1 MVHLTPEEKSAVTALWGKV--NVDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGD      48

EMBOSS_001     49 LS-----HGSAQVKGHGKKAADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLR      93
                  ||      . |:..|.|.||| |..|. :..:.| |:| :.....: |:| |..|.
EMBOSS_001     49 LSTPDVAMGNPKVKAHGKKVLGAFSDGLAHLNKLKGTFAITLSELHCDKLH      98

EMBOSS_001     94 VDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKYR      142
                  |||. |:| |:|. :..|.|. :..|.|||.|. |:..|. :|. :..|. :..|.
EMBOSS_001     99 VDPENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTTPVQAAAYQKVAGVANALAHKYH      147
```

Length: 149

Identity: 65/149 (43.6%)

Similarity: 90/149 (60.4%)

Gaps: 9/149 (6.0%)

Score: 292.5

(2) Globales Alignment mit einer anderen Substitution MATRIX
Needle EMBOSS - PAM 50 - Gap Penalty: 10

```

EMBOSS_001      1 MV-LSPADKTNVKAAGKVGAGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHF-D      48
                  || |:|:|:|:|:|.|.|||  :..|.|.|||.|:....|.|:..|..| |
EMBOSS_001      1 MVHLTPEEKSAVTALWGKV--NVDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGD      48

EMBOSS_001     49 LSH-----GSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLR      93
                  ||.      |:..|.|.|||..|.|.|.|.|:.....|:|..|.|.
EMBOSS_001     49 LSTPDAVMGNPVKVKAHGKKVLGAFSDGLAHLNLTGTFATLSELHCDKLH      98

EMBOSS_001     94 VDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKYR      142
                  |||.||:|:|.:.|...|.|.|||..|:|...|.|.|.|.|.|.|.
EMBOSS_001     99 VDPENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTPPVQAAYQKVVAGVANALAHKYH      147

```

Length: 149
Identity: 65/149 (43.6%)
Similarity: 81/149 (54.4%)
Gaps: 9/149 (6.0%)
Score: 290.5

(3) Globales Alignment mit einer anderen GAOPEN penalty
Needle EMBOSS - Blosom 62 - Gap Penalty: 5

```

EMBOSS_001      1 MV-LSPADKTNVKAAGKVGAGAHAGEYGAEALERMFLSFPTTKTYFPHF-D      48
                  || |:|:|:|:|:|.|.|||  :..|.|.|||.|:....|.|:..|..| |
EMBOSS_001      1 MVHLTPEEKSAVTALWGKV--NVDEVGGEALGRLLVVYPWTQRFFESFGD      48

EMBOSS_001     49 LS-----HGSAQVKGHGKKVADALTNAVAHVDDMPNALSALSDLHAHKLR      93
                  ||      .|:..|.|.|||..|.|.|.|.|:.....|:|..|.|.
EMBOSS_001     49 LSTPDAVMGNPVKVKAHGKKVLGAFSDGLAHLNLTGTFATLSELHCDKLH      98

EMBOSS_001     94 VDPVNFKLLSHCLLVTLAAHLPAEFTPAVHASLDKFLASVSTVLTSKYR      142
                  |||.||:|:|.:.|...|.|.|||..|:|...|.|.|.|.|.|.|.
EMBOSS_001     99 VDPENFRLLGNVLVCVLAHHFGKEFTPPVQAAYQKVVAGVANALAHKYH      147

```

Length: 149
Identity: 65/149 (43.6%)
Similarity: 90/149 (60.4%)
Gaps: 9/149 (6.0%)
Score: 312.5

Water EMBOSS - Blosum62 - Gap Penalty: 10

```
# Length: 145
# Identity:
# Similarity:
# Gaps:
# Score: 293.5
```

Aufgerufen am 09.07.18
Aufgerufen am 09.07.18