

1 ヒットした配列のダウンロード

2 ヒットした配列のGenbank形式データ

3 ヒットした配列の長さ (アミノ酸の数)

4 スコア

5 E-value

6 一致度 (identity)

7 類似性 (similarity)

8 ギャップ

9 アラインメント

10 真ん中の段

※ 全長を比べていないことが多いので注意!

同一アミノ酸の割合

同一アミノ酸 + 類似アミノ酸の割合

Query 1 MAYPTTNLTGIIIGFAKAAANVTGGTGGKVVTVNSLADFKSAVSGSTKTIWVLGASLKTSAL 60
 Sbjct 1 MAYPTT +G++GFAK+ + TGGTGG VV++ SL+D K+ V+G+ I+V+ A++ S+L 60

Query 61 TKVVFSGNKTIVGSGFGGANVLTNIHLRADASSSNVIFQNLVFKHDVSIKDNDDIQLYLNY 120
 Sbjct 61 TKVSLGANKSIIIGSYS-SNSLTNIHFRSTSNKNIIFQNLTFKHTSTINGNDDIQIYLTH 119

Query 121 GKGYYWDHCSWPGHWTSDNDGSLDKLIYVGEKADYYTISNCLFSNHKYGCIFGHPAD--D 178
 Sbjct 120 GNKYWLDHLTFPGHNYLTDGGLDKLIYIGEKADYITISHCLFKNHEYGLIFGYPDGSS 179

Query 179 NNSAYNGYPRLTI CHNYYENIQVRAPGLMRYGYFHFVFNYYVNFNLAFVTAQNANVISER 238
 Sbjct 180 NGSTYDGYPHLTI CHCYFSNIYVRAPGLMRYGYHAYNNFIDKYQLGFTLAQNAKIVSEY 239

Query 239 NVFGTGAE-NKGMVDDKNGSTFTDNGSSPAAVASKSPAAKWTASSNYSYSLMTTSAAKS 297
 Sbjct 240 NYFGTTTSGNKGMLDDKNG-TFTDTGSTPSITNQTSSASKWTPSSNYSYTLKTVSEAKT 298

Query 298 WVSNSGAQNSALKF 312
 +V +G Q+S+L F
 Sbjct 299 FVQKYAGVQSSSLTF 313

Score 363 bits(933) Expect 2e-121 Method Compositional matrix adjust. Identities 182/315(58%) Positives 241/315(76%) Gaps 5/315(1%)

Range 1: 1 to 313 [GenPept](#) [Graphics](#)

pectate lyase [Dickeya zeae]
 Sequence ID: [ref|WP_016943143.1|](#) Length: 315
[See 1 more title\(s\)](#)

真ん中の段
 一致：アミノ酸を表示
 類似：「+」を表示
 上記以外：表示されない

全長を表示しているとは限らないので注意

図3.8 BLAST検索結果のアラインメントの表示例