

Aufgabe 1

aufgabe_13.1.rb

Sequenz: -FPIKWTAPESLAY-- -NKFSIKSDVWAFGVLLWEIATYGMSPYPGIDLS-QVYELLEKD
Sequenz: QVPVKWTAPEALNY-- -GRYSSESDVWSFGILLWETFSLGASPYPNLSNQ-QTREFVEKG
Sequenz: QIPVKWTAPEALNY-- -GWYSSESDVWSFGILLWEAFSLGAVPYANLSNQ-QTREAIEQG
Sequenz: TGSVLWMAPEVIRMQDDNPFSFQSDVYSYGIVLYELMA-GELPYAHINNRDQIIFMVGRG

Consensus: QFPVKWTAPEALNYQDDGKYSSSESDVWSFGILLWEIFSLGASPYPNLSNQDQTRELVEKG

Consensus distance: 82
All pair sum score: 185