

Assignment 2

Laleh Rostami Hosoori A01772483

Compare Alignments

In order to compare the alignments produced by my program with those produced by LAlign tool, I've chosen *Meriones unguiculatus* (Mongolian gerbil) and *Mastomys natalensis* (African soft-furred rat) genes, the 10th pair of genes matched in my program. Here are the snapshots of both alignments. The result of LAlign is significantly longer and has more mismatches.

My program:

[illegible]

LAlign Tool:

```

      20      30      40      50      60
unknown PLSQETFSDLWKLPLPKNLLSALEP--MEDLLLPQDVTSWLGDADALPVCTAPA-EGPA
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
unknown PLSQETFQRLWKLLPPEAVLSEASPNMMDNFLSPDVVNLLGPEEALQVSAAPAAQDPV
      10      20      30      40      50      60

      70      80      90      100     110     120
unknown PEAPAPAAPAPPASWPLSSFVPSHKTFQNGYGFRLGFLQSGTAKSVTCTYSPSLNKLFCQ
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
unknown TETPAPAAPAPATPWPLSSFVPSQKTYQGSYGHLGFLQSGTAKSVMCTYSPSLNKLFCQ
      70      80      90      100     110     120

      130     140     150     160     170     180
unknown LAKTCPVQLWVSSAPPGTRVRAMAIYKNSQHMTEVVRRCPHHERCSENEASDPRGRAPP
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
unknown LAKTCPVQLWVSDTPPAGSRVRAMAIYKKSQHMTEVVRRCPHHERCTDGD-----GLAPP
      130     140     150     160     170

      190     200     210     220     230     240
unknown QHLIRVEGNLHAEYVDDRQTFRHSVLVPYESPEVGSDCTTIHYNMCSNCCMGGMNRRPI
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
unknown QHLIRVEGNLNAEYLDKQTFRHSVVVPYEPPEVGSDYTTIHYKYMCSNCCMGGMNRRPI
      180     190     200     210     220     230

      250     260     270     280     290     300
unknown LTIITLEDPSGNLLGRNSFEVVRVCACPGDRDRRTEENLRKKQR-CPPELPQGSAKRALPTN
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
unknown LTIITLEDSSGNLLGRDSFEVRICACPGDRDRRTEENFRKKEEPCPELPLGSAKRALPTG
      240     250     260     270     280     290

      310     320     330     340     350     360
unknown TSSSPQSKRKPADGEYFTLKIRGRKRFEVFRELNEALELKDAQAAGESGDGRAQASCLKT
      : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
unknown TSASPQQKKKRLDGEYFTLKIRGRERFEMFRELNEALELKDARAAEELGDSRAHSSYLKT
      300     310     320     330     340     350

      370     380     390
unknown KKDKSTSPRKNPMIKREPDSD
      : . : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
unknown KRGQSSSHHKPMVKVGPDS
      360     370

```