***PLOD1***

*Water*

# Aligned\_sequences: 2

# 1: 11934717-11975537

# 2: c148021233-147994210

# Matrix: EBLOSUM62

# Gap\_penalty: 10.0

# Extend\_penalty: 0.5

#

# Length: 4742

# Identity: 2240/4742 (47.2%)

# Similarity: 2240/4742 (47.2%)

# Gaps: 1224/4742 (25.8%)

# Score: 10012.0

*VectorBuilder*

Alignment type: Protein alignment

Matrix: EBLOSUM62

Gap penalty: 2.0

Extend penalty: 2.0

Score: 13145.0

Sequence 1 length:4159

Sequence 2 length:4167

Alignment length: 4887

Identity: 2587/4887 (52.94%)

Similarity: 2590/4887 (53.00%)

Gaps: 1448/4887 (29.63%)

**Вывод:**

Видно, что у второго алгоритма score больше, так что vectorbuilder справляется с поставленной задачей лучше, не смотря на то, что у него больше число пропусков (gaps)

***B3GALT6***

*Water*

# Aligned\_sequences: 2

# 1: 1232237-1235041

# 2: c156077135-156073923

# Matrix: EBLOSUM62

# Gap\_penalty: 10.0

# Extend\_penalty: 0.5

#

# Length: 3392

# Identity: 1856/3392 (54.7%)

# Similarity: 1856/3392 (54.7%)

# Gaps: 766/3392 (22.6%)

# Score: 9594.5

*VectorBuilder*

Alignment type: Protein alignment

Matrix: EBLOSUM62

Gap penalty: 2.0

Extend penalty: 2.0

Score: 11229.0

Sequence 1 length:3242

Sequence 2 length:2842

Alignment length: 3478

Identity: 2069/3478 (59.49%)

Similarity: 2072/3478 (59.57%)

Gaps: 872/3478 (25.07%)

**Вывод:**

В данном примере разница уже не столь заметна, но пропорции примерно одинаковые: score у vectorbuilder больше, чем у water, при этом он допускает больше пропусков