=== REPORTE DE IDENTIFICACIÓN DE PATÓGENO === Fecha: mié 23 jul 2025 09:24:13 CST

[1] SECUENCIAS ANALIZADAS

Número de secuencias: 13 Longitud promedio: 964.846 bp

[2] RESULTADOS DE BLAST

[3] ANÁLISIS FILOGENÉTICO

Árbol filogenético generado: /home/mleon/Escritorio/Nordisk/Objetivo3/identificacion_patogeno/arbol_filogenetico.nwk

[4] ANOTACIÓN GENÓMICA

No se pudo obtener la anotación genómica

[5] CONCLUSIONES

El análisis sugiere que el agente patógeno es compatible con: