



# Resultado Fasta

## *Alineamientos de secuencias de ADN.*

Descripción de la cadena de entrada:

gi|2765656|emb|Z78531.1|CFZ78531

Los porcentajes de similitud para las 4 cadenas son los siguientes:

Cadena 1: 100.0%, que corresponde a: gi|2765656|emb|Z78531.1|CFZ78531

(Esta cadena es la misma que la de entrada)

Cadena 2: 99.4879058618%, que corresponde a: gi|2765661|emb|Z78531.1|CFZ78531

Cadena 3: 78.0017432992%, que corresponde a: gi|2765642|emb|Z78517.1|CFZ78517

Cadena 4: 77.7402484201%, que corresponde a: gi|2765674|emb|Z78517.1|CFZ78517

Tiempo de ejecucion del algoritmo: 32.1139369011 Segundos

