



Resultado Fasta

Alineamientos de secuencias de ADN.

Descripción de la cadena de entrada:

gi|2765641|emb|Z78516.1|CPZ78516

Los porcentajes de similitud para las 3 cadenas son los siguientes:

Cadena 1: 108.571428571%, que corresponde a: gi|2765641|emb|Z78516.1|CPZ78516

Cadena 2: 103.519163763%, que corresponde a: gi|2765642|emb|Z78517.1|CFZ78517

Cadena 3: 103.240418118%, que corresponde a: gi|2765674|emb|Z78517.1|CFZ78517

Tiempo de ejecucion del algoritmo: 17.2707850933 Segundos

