



Resultado Fasta

Alineamientos de secuencias de ADN.

Descripción de la cadena de entrada:

gi|2765657|emb|Z78532.1|CCZ78532

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

Cadena 1: 93.7299616166%, que corresponde a: gi|2765660|emb|Z78532.1|CCZ78532

Cadena 2: 79.2323323549%, que corresponde a: gi|2765661|emb|Z78531.1|CFZ78531

Cadena 3: 79.0178369835%, que corresponde a: gi|2765656|emb|Z78531.1|CFZ78531

Cadena 4: 78.2885527207%, que corresponde a: gi|2765651|emb|Z78526.1|CGZ78526

Tiempo de ejecucion del algoritmo: 29.6775050163 Segundos

