

## 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: 100.320331227%, que corresponde a: gi|2765656|emb|Z78531.1|CFZ78531 Cadena 2: 99.8082370887%, que corresponde a: gi|2765661|emb|Z78531.1|CFZ78531 Cadena 3: 78.3852691218%, que corresponde a: gi|2765642|emb|Z78517.1|CFZ78517 Cadena 4: 78.1237742428%, que corresponde a: gi|2765674|emb|Z78517.1|CFZ78517

Tiempo de ejecucion del algoritmo: 36.4710888863 Segundos

