



# Resultado Fasta

---

## *Alineamientos de secuencias de ADN.*

Descripción de la cadena de entrada:

gi|2765641|emb|Z78516.1|CPZ78516

Con la matriz elegida:

matlist.blosum62

Y con la penalización de:

-10

Los porcentajes de similitud para las 5 cadenas son los siguientes:

Cadena 1: 100.0%, que corresponde a: gi|2765641|emb|Z78516.1|CPZ78516

(Esta cadena es la misma que la de entrada)

Cadena 2: 99.4192799071%, que corresponde a: gi|2765675|emb|Z78516.1|CPZ78516

Cadena 3: 96.1091753775%, que corresponde a: gi|2765642|emb|Z78517.1|CFZ78517

Cadena 4: 95.8304297329%, que corresponde a: gi|2765674|emb|Z78517.1|CFZ78517

Cadena 5: 81.9628339141%, que corresponde a: gi|2765651|emb|Z78526.1|CGZ78526

Tiempo de ejecución del algoritmo: 27.356 Segundos