



Resultado Fasta

Alineamientos de secuencias de aminoácidos.

Descripción de la cadena de entrada:

gi|2765641|emb|Z78516.1|CPZ78516

Con la matriz elegida:

matlist.blosum55

Y con la penalización de:

-1

Los porcentajes de similitud para las 1 cadenas son los siguientes:

Cadena 1: 18.9820684659%, que corresponde a: UPI0000000030

Tiempo de ejecución del algoritmo: 13.432 Segundos