



Resultado Fasta

Alineamientos de secuencias de aminoácidos.

Descripción de la cadena de entrada:

UPI00000000FB

Con la matriz elegida:

matlist.pam300

Y con la penalización de:

-1

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

Cadena 1: 97.6539589443%, que corresponde a: 999

Cadena 2: 97.6539589443%, que corresponde a: 999

Cadena 3: 97.6539589443%, que corresponde a: 999

Cadena 4: 97.6539589443%, que corresponde a: 999

Tiempo de ejecución del algoritmo: 7.464 Segundos