



Resultado Fasta

Alineamientos de secuencias de ADN.

Descripción de la cadena de entrada:

gi|2765641|emb|Z78516.1|CPZ78516

Con la matriz elegida:

matlist.blosum55

Y con la penalización de:

-10

Los porcentajes de similitud para las 2 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: 99.5471834813%, que corresponde a: gi|2765675|emb|Z78516.1|CPZ78516

Tiempo de ejecución del algoritmo: 26.675 Segundos