



# Resultado Fasta

---

## *Alineamientos de secuencias de ADN.*

Descripción de la cadena de entrada:

gi|2765641|emb|Z78516.1|CPZ78516

Con la matriz elegida:

matlist.pam250

Y con la penalización de:

-1

Los porcentajes de similitud para las 1 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)

Tiempo de ejecucion del algoritmo: 40.487 Segundos