



# Resultado Fasta

---

## *Alineamientos de secuencias de aminoácidos.*

Descripción de la cadena de entrada:

UPI00000000FB

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: 100.909090909%, que corresponde a: 999

Cadena 2: 100.909090909%, que corresponde a: 999

Cadena 3: 100.909090909%, que corresponde a: 999

Cadena 4: 100.909090909%, que corresponde a: 999

Cadena 5: 100.909090909%, que corresponde a: 999

Tiempo de ejecución del algoritmo: 3.764 Segundos