Universidad Tecnológica Metropolitana de Chile Ingenieria Civil en Computación Mención Informática Computación Paralela Plataforma Integrada

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

El(Los) porcentaje(s) de similitud para la(s) 5 cadena(s) es(son) el(los) siguiente(s):

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

Cadena 3: 96.3684115197%, que corresponde a: gi|2765642|emb|Z78517.1|CFZ78517

Cadena 4: 96.1510595907%, que corresponde a: gi|2765674|emb|Z78517.1|CFZ78517

Cadena 5: 82.6842963231%, que corresponde a: gi|2765651|emb|Z78526.1|CGZ78526

Tiempo de ejecucion del algoritmo: 26.41 Segundos