



# Resultado Fasta

---

## *Alineamientos de secuencias de ADN.*

Descripción de la cadena de entrada:

UPI00000000FB

Con la matriz elegida:

matlist.blosum30

Y con la penalización de:

-3

Los porcentajes de similitud para las 10 cadenas son los siguientes:

Cadena 1: 77.3219814241%, que corresponde a: 999  
Cadena 2: 77.3219814241%, que corresponde a: 999  
Cadena 3: 77.3219814241%, que corresponde a: 999  
Cadena 4: 77.3219814241%, que corresponde a: 999  
Cadena 5: 77.3219814241%, que corresponde a: 999  
Cadena 6: 77.3219814241%, que corresponde a: 999  
Cadena 7: 77.3219814241%, que corresponde a: 999  
Cadena 8: 77.3219814241%, que corresponde a: 999  
Cadena 9: 77.3219814241%, que corresponde a: 999  
Cadena 10: 77.3219814241%, que corresponde a: 999

Tiempo de ejecución del algoritmo: 12.96 Segundos