



Resultado Fasta

Alineamientos de secuencias de ADN.

Descripción de la cadena de entrada:

gi|2765752|emb|Z78439.1|PBZ78439

Con la matriz elegida:

matlist.pam90

Y con la penalización de:

-1

El(Los) porcentaje(s) de similitud para la(s) 2 cadena(s) es(son) el(los) sigue

Cadena 1: 100.0%, que corresponde a: gi|2765752|emb|Z78439.1|PBZ78439

(Esta cadena es la misma que la de entrada)

Cadena 2: 99.04790241%, que corresponde a: gi|2765564|emb|Z78439.1|PBZ78439

Tiempo de ejecucion del algoritmo: 37.445 Segundos