

Affichage des séquences

			1	10	20	30	40	50	60	70	80	90	100	110	120	130	140	
Psb0 Elysia-Adulte.a	<	>	0	ATGAAGGTCCCATCTGCTTTGGTCGCGCTTTTCAGCATTCTCTGTAAAAACCTCCGCATTCCGTCCAGCCTTCGCAGGCCTCAAAACCAATGCCAATCATCCTCCGCACTGACAATGTCAGTTCAGGATGATATCAAACTTTGGCAGTT														
Psb0 Elysia-Oeuf.ad	<	>	0	ATGAAGGTCCCATCTGCTTTGGTCGCGCTTTTCAGCATTCTCTGTAAAAACCTCCGCATTCCGTCCAGCCTTCGCAGGCCTCAAAACCAATGCCAATCATCCTCCGCACTGACAATGTCAGTTCAGGATGATATCAAACTTTGGCAGTT														
Psb0 Vaucheria litor	<	>	0	ATGAAGGTCCCATCTGCTTTGGTCGCGCTTTTCAGCATTCTCTGTAAAAACCTCCGCATTCCGTCCAGCCTTCGCAGGCCTCAAAACCAATGCCAATCATCCTCCGCACTGACAATGTCAGTTCAGGATGATATCAAACTTTGGCAGTT														

Sélection : 0/3 lignes

Informations

Imprimer Copier

OK Annuler

Alignement multiple de séquences d'ADN :

Identities des séquences

l'alignement comprend 963 bases

-> 963 bases identiques (représentées par le signe *)

soit 100,0 % d'identité
soit 0,0 % de différence

Psb0 Elysia-Adulte.adn

Commentaires :

Alignement multiple de séquences d'ADN

Comparaison avec alignement

			1	10	20
Traitement	<	>	0	Alignement multiple de séquences	
Identities	<	>	0	*****	
Psb0 Elysia-Adulte.a	<	>	0	ATGAAGGTCCCATCTGCTTTGGTCGCGCTTTTCAGCATTCTCTGTAAAAACCTCCGCATTCCGTCCAGCCTTCGCAGGCCTCAAAACCAATGCCAATCATCCTCCGCACTGACAATGTCAGTTCAGGATGATATCAAACTTTGGCAGTT	
Psb0 Elysia-Oeuf.ad	<	>	0	-----	
Psb0 Vaucheria litor	<	>	0	-----	

Sélection : 0/5 lignes

			110	120	130	140

			TGACAATGTCAGTTCAGGATGATATCAAACTTTGGCAGTT			

