

## RESPUESTAS DE LOS EJERCICIOS

### TEMA 3.2. Obtención de matrices: búsqueda de homologías, alineamiento

*Respuesta Ejercicio 3.2.1.* véase output “Alineamiento\_ITS\_clustal.fasta”

*Respuesta Ejercicio 3.2.2.* véase output “Alineamiento\_ITS\_muscle.fasta”

*Respuesta Ejercicio 3.2.3.*

(a-b)

- Gap en torno a la posición 165 en DQ987192\_LF: CTTA aparece desplazado en ambos casos; y gap en torno a la posición 208. No veo diferencia en el sentido biológico en ninguno de los dos casos.
- Gap en torno a las posiciones 230 o 240 en LF. MUSCLE crea un gap más (en la posición 242).
- Gap en torno a la posición 440 en LF. No veo diferencia en el sentido biológico en ninguno de los dos casos.
- En el caso de ITS los dos alineamientos son prácticamente idénticos, salvo porque MUSCLE añade NS al final que hay eliminar.

(c-d)

- Primer gap de LF, posiciones 67 a 80. Tal y como crean el gap tanto Clustal como MUSCLE, no se encuentra el origen de CGACA, aparentemente presente sólo en DQ987192. Si el gap se desplaza hacia la izquierda, de tal manera que empiece en la posición 67 para DQ987183 y GQ891132, y en la posición 76 para el resto de las secuencias, es posible interpretar que la secuencia DQ987192 ha duplicado el fragmento GACAA.
- En el caso de ITS, casi sin gaps, no se cambiaría nada.