

AUTOEVALUACIÓN

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

Autoevaluación 3.2.1. Repite el proceso de comparar los alineamientos para la región del ADN ribosómico nuclear ITS (respondiendo a las mismas preguntas planteadas en el ejercicio 3.2.3.). Compara tus respuestas con las soluciones proporcionadas en el archivo "ResEj_3.2". Selecciona el alineamiento definitivo para usar en las reconstrucciones filogenéticas. Guarda este archivo en el que tienes el alineamiento revisado bajo el nombre "Alineamiento_ITS_revisado".