

## EJERCICIOS

### TEMA 3.1. Obtención de secuencias

*Ejercicio 3.1.1.* Descárgate las siguientes secuencias de ITS (DQ987192, DQ987187, DQ987166, FJ212178, GQ891137, GQ891139, GQ891140, DQ987181, GQ891132, DQ987183, DQ987172, GQ891136, GQ891150, GQ891151, GQ891162, DQ987176, GQ891169). Abre el archivo con un editor de texto, renombra las secuencias y guarda el archivo (.fasta) bajo el nombre "Secuencias\_ITS"

*Ejercicio 3.1.2.* El objetivo final de las prácticas de este curso consiste en presentar una reconstrucción filogenética de *Reseda* sect. *Glaucoseseda*. Para ello utilizaremos dos regiones de ADN, una del genoma nuclear (ITS) y otra del genoma plastidial (*trnLF*). Teniendo en cuenta que es posible que combinemos ambas regiones y que ya has descargado las secuencias del ejercicio 3.1.1., ¿qué *accessions* del *GenBank* del espaciador plastidial *trnLF* de todas las disponibles utilizarías para hacer la matriz plastidial?

*Ejercicio 3.1.3.* Comprueba que has hecho bien el Ejercicio 3.1.2. y descárgate dichas secuencias, renómbralas y guárdalas bajo el nombre "Secuencias\_LF".