**Ejercicio Práctico de Bioinformática**

**Instrucciones:**

Realiza un análisis bioinformático utilizando las siguientes herramientas y conceptos: operadores lógicos en Linux, generación de alineamiento de secuencias múltiples, dot plots, y penalidades de alineamiento (gap, extensión, match y mismatch). Además, asegúrate de identificar un marcador molecular dentro de tus resultados.

Datos: Crea un archivo FASTA con secuencias de ADN de tres especies diferentes recogidas durante un estudio de biodiversidad:

>Especie1

ATGCGTACGTTAGCCTAGC

>Especie2

ATGCGTACGTAGCCTAGCG

>Especie3

ATGCGTACGCTTAGCCTAG

**Preparación del Entorno:**

Utiliza comandos en Linux para crear el archivo fasta (sequences.fasta) en tu directorio de trabajo.

**Alineamiento de Secuencias Múltiples:**

Realiza un alineamiento de secuencias múltiples con las secuencias proporcionadas

**Generación de Dot Plot:**

Selecciona dos de las secuencias alineadas (por ejemplo, Especie1 y Especie2) y genera un dot plot para visualizar similitudes y diferencias.

Utiliza una herramienta de visualización o software específico para generar el dot plot.

**Cálculo de Penalidades de Alineamiento:**

Usando el resultado del alineamiento, calcula manualmente la puntuación del alineamiento entre dos de las secuencias alineadas (por ejemplo, Especie1 y Especie2).

Penalidades y recompensas:

Match: +5

Mismatch: -2

Apertura de Gap: -10

Extensión de Gap: -1

Muestra el cálculo detallado de la puntuación para las secuencias seleccionadas.

**Identificación de un Marcador Molecular:**

A partir del alineamiento de secuencias múltiples, identifica una región conservada que pueda servir como marcador molecular.

Indica la región conservada seleccionada (por ejemplo, una secuencia de 10-15 bases que es idéntica en todas las especies alineadas) y su relevancia para estudios de biodiversidad.