

Analiza Filogenetyczna 2

- Krótki wstęp teoretyczny. Przedstawienie najważniejszych informacji związanych z konstrukcją macierzy spokrewnień i drzew filogenetycznych i metod sprawdzania poprawności konstrukcji drzew.
- Konstrukcja drzew
 - Przygotowane i przyrównane (zapisane jako plik *.aln) na poprzednich zajęciach sekwencje proszę wczytać do programu ClustalX
 - Z menu **Trees** proszę wybrać **Draw tree** i zapisać pod nazwą **drzewo.ph**
 - Powstały plik proszę otworzyć w notatniku i proszę omówić strukturę pliku
 - Następnie plik drzewo.ph proszę otworzyć w programie TreeView
 - Proszę zapoznać się z prostym interfejsem i możliwościami programu
- WNIOSKI
 - Omówienie topologii drzewa
 - Wysłanie wniosków
 - Dyskusja