

BioLinux

Zdalna obsługa programów w terminalu.

1. Z katalogu wskazanego przez prowadzącego skopiuj pliki **s1**, **s2**, **s3**, **s4** i **s5** do katalogu **align**, znajdującego się w twoim katalogu domowym.
2. Edytuj każdy plik tak, aby pierwszy wiersz wyglądał następująco:

```
> Stygiophyes hansferyi
```

3. Zmiany zapisz
4. Korzystając z narzędzi terminala skopiuj zawartość każdego pliku do pliku **seq** tak, aby wszystkie sekwencje były jedna za drugą:

```
less s1 >> seq  
less s2 >> seq  
(...)
```

5. Sprawdź, czy się udało
6. Korzystając z **clustalw** przyrównaj sekwencję:

```
clustalw -infile=seq -align
```

7. Przejrzyj pliki wynikowe
8. Powtórz analizę programem **clustalw** zmieniając jej cel na tworzenie drzew filogenetycznych:

```
clustalw -infile=seq -tree
```

9. Obejrzyj wynik
10. Korzystając z jednego z programów pakietu PYLIP, utwórz drzewo filogenetyczne:

```
/usr/bin/phylic drawgram
```

11. Postępuj zgodnie ze wskazówkami prowadzącego
12. Zapoznaj się z innymi opcjami programów użytych na ćwiczeniach