

한국진화학회 2026년 겨울학교 (1/26-1/30) 분자진화 분야 공지 v1

분자진화학 분야 담당: 서태건 (극지연구소: seo.taekun@gmail.com)

관련 사이트: [github링크](#)

1. 학습내용: 분자계통수 기초, ML(Maximum Likelihood: Machine Learning 아님) 계통수 추정, 베이지안 계통수 추정, MP(Maximum Parsimony), DM(Distance Method), 분기연대 추정 등.
2. 학습일정: 1/29(목) 오후 (2.5시간), 1/30(금) 전일(3시간+2.5시간)
3. 교재: 한국진화학회 출판 리뷰논문 4편 ([논문1](#), [논문2](#), [논문3](#), [논문4](#)) 및 관련자료1([진화거리](#)), 관련자료2([기본용어](#)), 관련자료3([Total evidence 분기연대추정 관련논문](#)). 그외 github 폴더에 업로드된 PDF 자료 (아래 그림처럼 파일을 클릭하면 우측에 다운로드 버튼이 있습니다. 자료가 추가/수정될 수 있으니 종이인쇄 하실 분은 인쇄 시점을 최대한 늦춰주세요.)



4. 권장사항: 노트북PC 지참. 필수는 아니지만 본인 노트북을 지참하면 프로그램 실행을 현장에서 직접 경험할 수 있어 학습에 도움이 됩니다. 현장에서 프로그램의 완벽한 실행은 시간 관계 상 불가능하고, 작동 여부만 확인하고 이미 준비된 결과 파일을 살펴보는 식으로 진행할 예정입니다. Total-evidence 관련 논문은 시간 여유가 있다면 중요 부분만 간략하게 살펴볼 예정입니다(하지만 아마도 시간 여유가 없을듯...).
5. 인스톨이 필요한 프로그램 (맥, 리눅스 사용자는 제가 대응하기 어렵습니다)
[JRE](#) (Java Runtime Environment; 본인이 모르는 사이 이미 인스톨이 되어 있을 수도 있습니다. 아래 7번 FigTree 프로그램 압축을 풀어 “FigTree v1.4.3.exe“ 실행이 되면 JRE가 이미 인스톨 되어 있는 것입니다. 이 경우 재인스톨 불필요.)
6. 사전 다운로드가 필요한 프로그램 (맥, 리눅스 사용자는 제가 대응하기 어렵습니다; zip 파일은 다운로드해서 압축 풀면 사용 가능하고 treeview는 설치 필요)
[IQTREE](#) (버전 2.xx, 3.xx 아무거나 상관없음), [PAML](#), [MrBayes](#), [FigTree](#), [Tracer](#), [Beast](#), [treeview](#) (Rod Page라는 유명한 분이 만드셨는데 아주 오래된 프로그램이라 지금은 구하기 어렵습니다. 계통수 편집에 유용하여 소개하고자 합니다. 안전하니 걱정마시고 setup.exe 실행시켜 설치하세요. treeview X라는 프로그램은 구할 수 있는데 유용하지 않아 이 버전으로 추천합니다. 링크 클릭한 후 우측 다운로드 버튼 눌러 다운로드)
7. 실습데이터 [[다운로드](#)]