

Consensus trees

Maciej Sikora

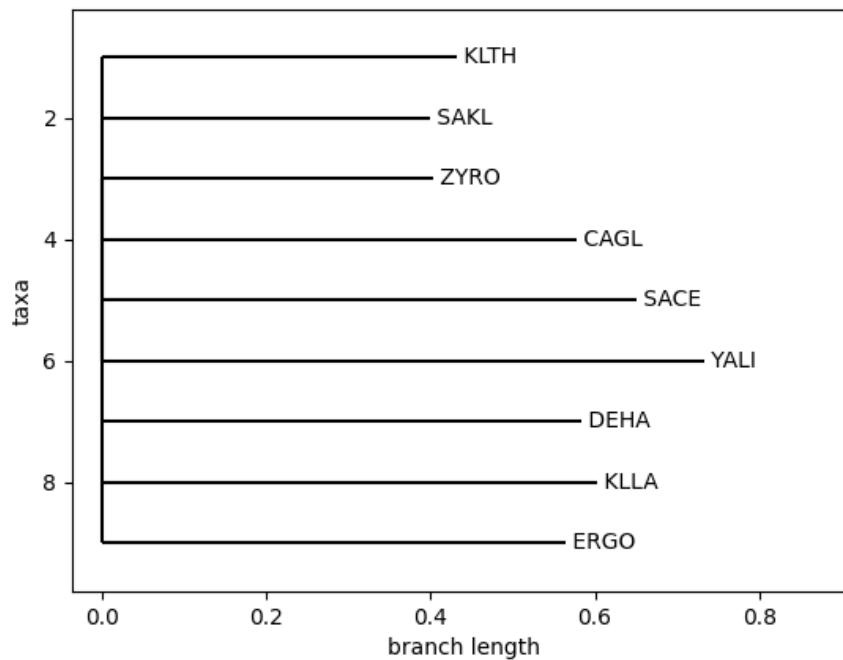
24 listopada 2021

Uliniowanie wykonane z pomocą pakietu mafft.

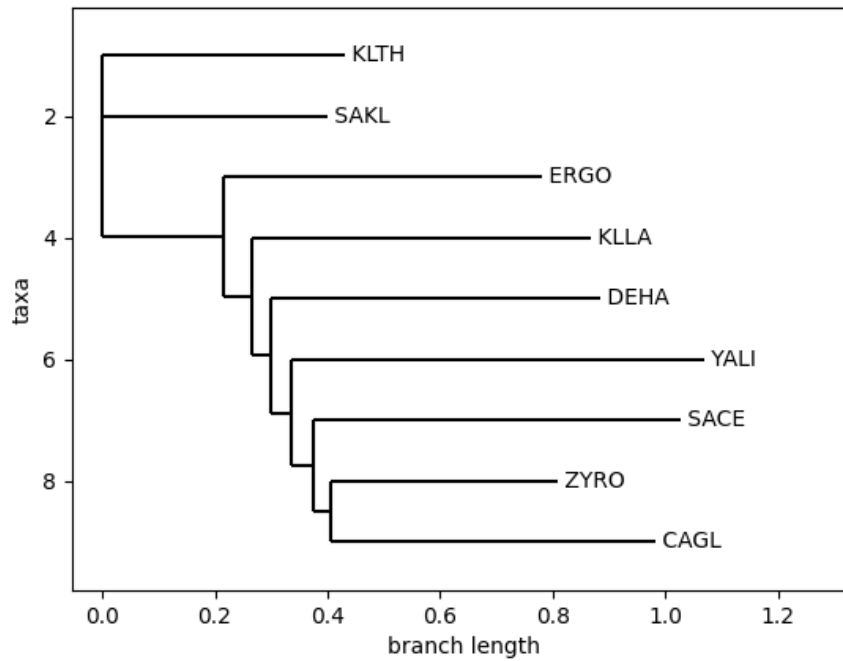
Drzewa Neighbor Joining wykonane zostały z użyciem pakietu PhyML.

Drzewa konsensusowe wyliczone zostały z użyciem pakietu Bio.Phylo.

Wyniki dla metody strict przewidywalnie nie były najlepsze:



Dla metody majority z wartością cutoff = 0.3 uzyskane zostało jednak następujące drzewo.



1 Analiza

Odległość Robinsona-Fouldsa wynosi 6.

Liczba wszystkich krawędzi wynosi 32 (w tym 14 wewnętrznych).

