

Praktika z bioinformatiky

Samostatné analýzy

Fylogenetika

Podívejte se do složky soubory_mt_fasta. Ve složce jsou mitochondriální genomy organismů, již rozdělené podle genů. Obdrželi jste ještě 3 soubory fasta (A, B, C). Na základě fylogenetické analýzy rozhodněte o jejich taxonomickém zařazení. Závěry podpořte fylogenetickým stromem. Diskutujte vhodnost použití jednotlivých genů. Který považujete pro určení za nejvhodnější?