

FONT TESTO NORMALE:

Times New Roman 12

CARATTERE: normale (no grassetto, no sottolineato, no colori), tranne i nomi scientifici delle specie che devono essere scritti in corsivo, con l'iniziale del genere Maiuscola (solo il nome del genere, quello della specie deve essere tutto minuscolo)

PARAGRAFO: giustificato

INTERLINEA: 1,5

NUMERI DI PAGINA: in basso a sinistra

FONT DEI COMANDI UTILIZZATI:

Courier New 10

Il testo deve essere suddiviso nelle seguenti sezioni:

INTRODUZIONE: sintetica esposizione degli obiettivi della Tassonomia, ossia della scienza che studia i principi ed i metodi di classificazione degli organismi (si veda Wikipedia)

OGNI INFORMAZIONE PRESA DA WIKIPEDIA O DA QUALSIVOGLIA ALTRA FONTE, SE CITATA LETTERALMENTE, DEVE ESSERE MESSA TRA VIRGOLETTE, CON L'INDICAZIONE BIBLIOGRAFICA TRA PARENTESI (URL del sito, autore, anno dell'articolo)

1. MATERIALI E METODI

1.1 I DATI

Spiegare perché la classificazione basata esclusivamente su caratteri morfologici non è più considerata valida, ma dev'essere integrata (o addirittura sostituita) con quella ottenuta attraverso l'analisi di dati molecolari, ossia di sequenze di DNA.

Indicare il gene utilizzato e quale funzione esso svolga. Perché questo gene è importante sia dal punto di vista della fitness (probabilità di sopravvivenza) degli animali in Natura sia dal punto di vista zootecnico per le specie allevate.

Indicare la FONTE DEI DATI, ossia da dove le sequenze sono state ottenute (GenBank ecc.), in che formato sono codificate (FASTA: descrivere le caratteristiche del formato stesso).

1.2 I METODI

Indicare con quale programma le sequenze sono state allineate, cosa significa ALLINEAMENTO MULTISEQUENZA e perché devono essere allineate.

Descrivere il FLUSSO DI LAVORO, cioè i vari passaggi seguiti:

A) lettura del file di testo in formato FASTA in R: cos'è R? Riportare il comando di R utilizzato, indicando la sintassi del comando stesso

B) costruzione della MATRICE DELLE DISTANZE GENETICHE (indicare cosa sia) con il metodo UPGMA (illustrare come funziona tale algoritmo)

C) costruzione e successiva rappresentazione grafica dell'albero: comandi utilizzati

2. RISULTATI E DISCUSSIONE

Come si distribuiscono i vari taxa (compreso l'outgroup cioè il pesce zebra) sui rami dell'albero e perché.

Riflessione sul lavoro svolto: cosa ho imparato?

BIBLIOGRAFIA: elenco delle fonti utilizzate, compresi i siti web

NOTA 1:

I COMANDI DEVONO ESSERE TRASCRITTI (NO SCREENSHOT), tranne quelli inseriti tramite interfaccia grafica (dal sito di GenBank ed in clustalx)

NOTA 2:

NESSUN ELABORATO CHE NON RISPETTI RIGOROSAMENTE LE PRESENTI INDICAZIONI VERRÀ CORRETTO DAL SOTTOSCRITTO